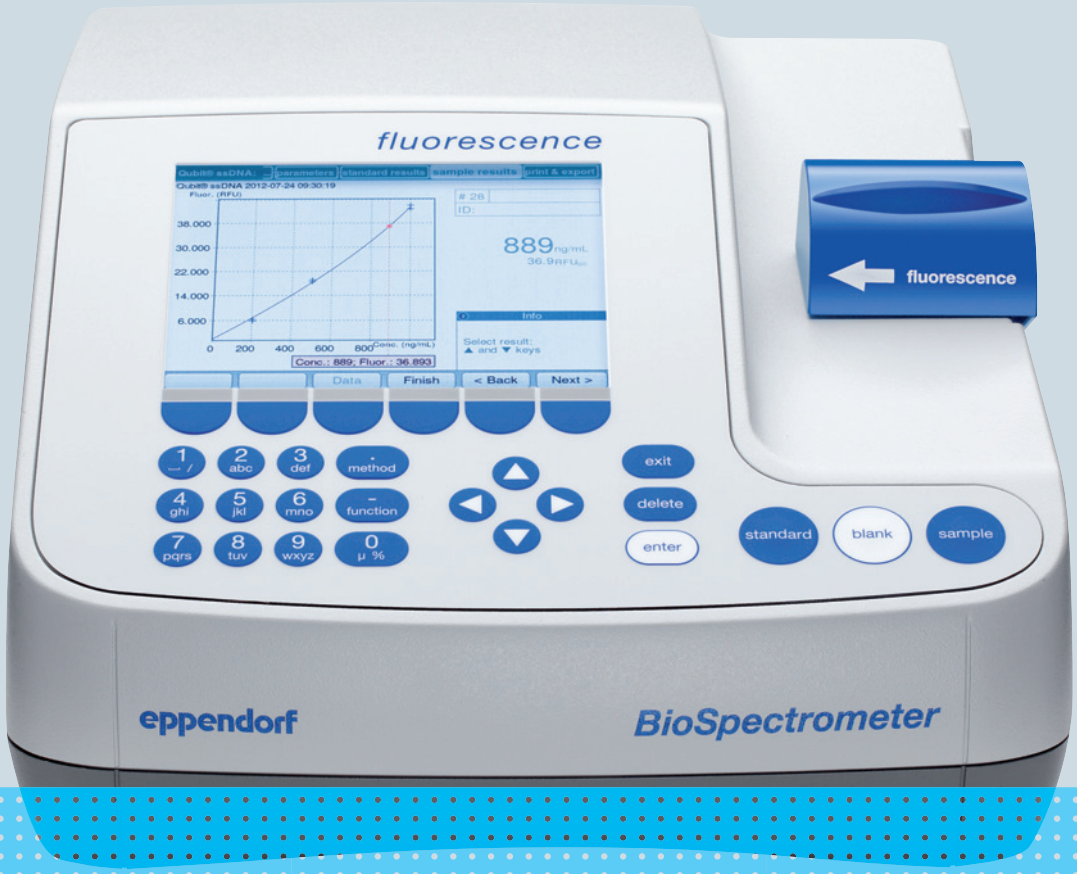
eppendorf

Register your instrument!
www.eppendorf.com/myeppendorf



Eppendorf BioSpectrometer® fluorescence

Manual de instrucciones

Copyright © 2015 Eppendorf AG, Germany. All rights reserved, including graphics and images. No part of this publication may be reproduced without the prior permission of the copyright owner.

Trademarks

Cy® is a registered trademark of GE Healthcare UK Ltd., UK.

Hellma® is a registered trademark of Hellma GmbH & Co. KG, Germany.

OliGreen®, PicoGreen®, RiboGreen®, NanoOrange® and Qubit® are registered trademarks of Molecular Probes, Inc., USA.

Eppendorf® and the Eppendorf logo are registered trademarks of Eppendorf AG, Germany.

Eppendorf BioSpectrometer®, Eppendorf SpectraZoom® and UVette® are registered trademarks of Eppendorf AG, Germany.

Registered trademarks and protected trademarks are not marked in all cases with ® or ™ in this manual.

This product is manufactured under license to issued U.S. Patent No. 6,122,052.

Protected by U.S. Patent No. 8,464,171.

6137 900.058-03/062015

Índice

1 Instrucciones de empleo 7
1.1 Utilización de estas instrucciones 7
1.2 Símbolos de peligro y niveles de peligro 7
1.2.1 Símbolos de peligro 7
1.2.2 Niveles de peligro 7
1.3 Convención de representación 8
1.4 Abreviaturas 9

2 Instrucciones generales de seguridad 11
2.1 Uso de acuerdo con lo previsto 11
2.2 Requerimiento para el usuario 11
2.3 Peligros durante el uso previsto 11
2.3.1 Daños personales 11
2.3.2 Daños en el equipo 13
2.4 Indicaciones relativas a la responsabilidad del producto 14
2.5 Indicaciones de seguridad en el equipo 14

3 Descripción del producto 15
3.1 Ilustración general 15
3.2 Alcance de suministro 15
3.3 Características del producto 16
3.3.1 Métodos 16
3.3.2 Manejo 16
3.3.3 Emisión de resultados 17
3.3.4 Autocomprobación del equipo 17

4 Instalación 19
4.1 Preparación de la instalación 19
4.2 Seleccionar ubicación 19
4.3 Conexión del equipo a la red eléctrica 19
4.4 Conexión del equipo con una red 20
4.5 Conexión de la impresora al puerto USB 20
4.5.1 Impresora térmica DPU-S445 20
4.6 Conexión de un ordenador o memoria USB para la exportación de datos 21

5 Manejo 23
5.1 Visión general de los elementos de control 23
5.1.1 Introducción de texto 25
5.2 Inserción de la cubeta 26
5.3 Visión general de la secuencia de medición 27
5.3.1 Preparación de la medición 27
5.3.2 Secuencia de medición 28
5.3.3 Indicaciones importantes para las mediciones 31

6 Métodos. 33
6.1 Selección del método 33
6.2 Descripción de métodos fotometría 34
6.2.1 Grupo de métodos Absorbance. 34
6.2.2 Grupo de métodos Routine 35
6.2.3 Grupo de métodos Basic 36
6.2.4 Grupo de métodos Advanced 37
6.3 Descripción de métodos: fluorimetría. 37
6.3.1 Grupo de métodos: rutina 37
6.3.2 Grupo de métodos Basic 38
6.4 Parámetros de método 38
6.5 Pasos de métodos 43
6.5.1 check parameters 44
6.5.2 measure standards 45
6.5.3 measure samples. 46
6.5.4 measure samples: indicaciones de resultados 48
6.5.5 process results 54
6.5.6 process results: opciones 56
6.5.7 print & export 59
6.5.8 Finalizar la serie de mediciones 62

7 Funciones 63
7.1 Funciones del grupo principal User 63
7.1.1 Results Memory 64
7.1.2 General Method Parameters 65
7.1.3 Absorbance Spectra Library 68
7.1.4 Device Settings 68
7.1.5 Device Calibration 70
7.1.6 Info 71

8 Mantenimiento 73
8.1 Limpieza 73
8.1.1 Limpieza de la cubierta del compartimento de la cubeta 74
8.2 Desinfección/Descontaminación 75
8.3 Comprobación del equipo 75
8.3.1 Comprobación de la unidad espectrométrica 75
8.3.2 Comprobación de la unidad de fluorescencia 79
8.3.3 Autocomprobación del equipo 80
8.4 Sustituir fusibles 80
8.5 Descontaminación antes del envío 81

9 Solución de problemas 83
9.1 Errores generales 83
9.2 Mensajes de error 85
9.3 Identificaciones de resultados 89

10 Transporte, almacenaje y eliminación. 93
10.1 Transporte 93
10.2 Almacenamiento 93
10.3 Eliminación 94

11 Datos técnicos. 95
11.1 Suministro de corriente 95
11.2 Condiciones del entorno 95
11.3 Peso/dimensiones 95
11.4 Propiedades fotométricas 96
11.5 Fluorimeter 96
11.6 Otros parámetros técnicos 97
11.7 Parámetros de aplicación 98

12 Método de evaluación 99
12.1 Valores de extinción 99
12.1.1 Valor de blanco 99
12.1.2 Corrección de fondo 99
12.1.3 Corrección de cubeta 100
12.2 Evaluación con factor o con solución patrón 100
12.3 Evaluación con curva/línea recta de solución patrón 101
12.4 Dilución 102
12.5 Procedimientos de evaluación especiales para ácidos nucleicos y proteína UV 103
12.5.1 Corrección A_{260} y corrección A_{280} 103
12.5.2 Ratio A260/A280 y ratio A260/A230 103
12.5.3 Conversión en concentraciones molares y cantidades de ácidos nucleicos 104
12.5.4 Cálculo del factor para proteína en "General Method Parameter" 105
12.6 Procedimientos de evaluación especiales para los métodos de tinción 106
12.6.1 Cálculo del factor para el colorante a partir del coeficiente de extinción 106
12.6.2 Cálculo de la FOI 106
12.6.3 Conversión a cantidades de colorante 107
12.7 Dual wavelength 107
12.8 Fluorimetría 108
12.8.1 RFU 108
12.8.2 Blanco 108
12.8.3 Evaluación con estándar y curva/recta estándar, dilución 108

13 Información para pedidos 109

Certificados 111

1 Instrucciones de empleo

1.1 Utilización de estas instrucciones

- Lea este manual de instrucciones completamente antes de que ponga en funcionamiento el equipo por primera vez. Si fuera necesario, lea también las instrucciones de uso de los accesorios.
- Este manual de instrucciones es parte del producto. Consérvelo en un lugar accesible.
- Incluya siempre este manual de instrucciones cuando entregue el equipo a terceros.
- Encontrará la versión actual del manual de instrucciones en otros idiomas en nuestra página de Internet www.eppendorf.com.

1.2 Símbolos de peligro y niveles de peligro

Las indicaciones de seguridad en este manual tienen los siguientes símbolos de peligro y niveles de peligro:

1.2.1 Símbolos de peligro

	Electrocución		**Explosión**
	Sustancias tóxicas		**Punto de peligro**
	Daños materiales		

1.2.2 Niveles de peligro

PELIGRO	*Causará* lesiones graves e incluso la muerte.
ADVERTENCIA	*Puede* causar lesiones graves e incluso la muerte.
PRECAUCIÓN	Puede causar lesiones ligeras a medianas.
ATENCIÓN	Puede causar daños materiales.

1.3 Convención de representación

Representación	Significado
1. 2.	Acciones que deben realizarse en el orden preestablecido
▸	Acciones sin un orden preestablecido
•	Lista
 o **sample**	Pulse esta tecla para realizar la acción descrita.
 o [Copy]	Pulse esta tecla programable para realizar la acción descrita.
	Información adicional

1.4 Abreviaturas

A
Absorbancia – Extinción

DNA
Deoxyribonucleic acid – Ácido desoxirribonucleico (ADN)

dsDNA
double stranded DNA – ADN bicatenario

Métodos de tinción
Métodos del grupo **Dye labels** para la medición de biomoléculas teñidas con colorante

FOI
Frequency of Incorporation - Frecuencia de incorporación: medida para la cantidad de moléculas de colorante respecto al número de nucleótidos en biomoléculas teñidas con colorante

M
mol/L (*molar*)

OD600
Densidad óptica con la longitud de onda 600 nm

RFU
Relative Fluorescence Unit – unidad de fluorescencia relativa: medida para la intensidad en mediciones de fluorescencia

RNA
Ribonucleic acid – ácido ribonucleico (ARN)

ssDNA
single stranded DNA – ADN monocatenario

UV
Radiación ultravioleta

Vis
Visible light – luz visible

CV
Coeficiente de variación (desviación estándar/valor medio), en tanto por ciento

2 Instrucciones generales de seguridad

2.1 Uso de acuerdo con lo previsto

El campo de aplicación del BioSpectrometer fluorescence son los laboratorios de investigación especializados en biología molecular, bioquímica y biología celular. El BioSpectrometer fluorescence está diseñado exclusivamente para el uso en interiores. Se tienen que respetar los requisitos de seguridad específicos de cada país para el uso de equipos eléctricos en laboratorios.

El BioSpectrometer fluorescence sirve para la determinación fotométrica de la concentración de analitos en líquidos y para el registro de espectros de longitudes de onda de extinción en cubetas. Además se pueden realizar mediciones de fluorescencia para la cuantificación de biomoléculas.

Utilice exclusivamente accesorios de Eppendorf o accesorios recomendados por Eppendorf.

2.2 Requerimiento para el usuario

El equipo y los accesorios sólo pueden ser manejados por personal cualificado.

Antes de la utilización, lea cuidadosamente el manual de instrucciones y las instrucciones de uso de los accesorios y familiarícese con el funcionamiento del equipo.

2.3 Peligros durante el uso previsto

2.3.1 Daños personales

¡PELIGRO! Descarga eléctrica debido a la penetración de líquidos.

- Apague el dispositivo y desenchúfelo de la alimentación eléctrica antes de empezar los trabajos de limpieza o de desinfección.
- No deje entrar ningún líquido al interior de la carcasa.
- No efectúe ninguna limpieza o desinfección por pulverización en la carcasa.
- Sólo vuelva a conectar el dispositivo a la red eléctrica si está completamente seco por dentro y por fuera.

¡PELIGRO! Peligro de explosión.

- No utilice el dispositivo en salas en donde se trabaje con sustancias explosivas.
- No procese con este dispositivo sustancias explosivas o que reaccionen bruscamente.
- No procese con este dispositivo sustancias que puedan crear una atmósfera explosiva.

¡ADVERTENCIA! Descarga eléctrica por daños en el dispositivo o cable de alimentación.

- Sólo encienda el dispositivo si este y el cable de alimentación no presentan ningún daño.
- Utilice únicamente dispositivos que hayan sido instalados o reparados correctamente.
- En caso de peligro, separe el dispositivo de la red eléctrica extrayendo el enchufe de alimentación del dispositivo o con ayuda del dispositivo de separación previsto para ello (p. ej., el interruptor de emergencia del laboratorio).

¡ADVERTENCIA! Daño a causa de radiación ultravioleta.
Las cubetas de microlitros como, p. ej., Hellma® TrayCell (o cubetas de microlitros de construcción similar) desvían la radiación de la fuente de luz dentro de la cubeta de modo que la radiación de la fuente de luz también puede salir por arriba si la tapa no está cerrada.

- Cerciórese de que la tapa de la cubeta de microlitros esté cerrada antes de iniciar una medición.

¡ADVERTENCIA! Daños para la salud a causa de sustancias químicas tóxicas, radiactivas o agresivas, así como a causa de líquidos infecciosos y gérmenes patógenos.

- Observe las disposiciones nacionales sobre el manejo de estas sustancias, el nivel de seguridad biológica de su laboratorio, así como las fichas de datos de seguridad e indicaciones de uso de los fabricantes.
- Póngase su equipo de protección personal.
- Encontrará amplias prescripciones respecto al manejo de gérmenes o material biológico del grupo de riesgo II o superior en el "Manual de Bioseguridad en el Laboratorio" (fuente: World Health Organisation, Laboratory Biosafety Manual, en la versión actualmente vigente).

¡ADVERTENCIA! Peligro para la salud debido a dispositivo y accesorios contaminados.

- Descontamine el dispositivo y los accesorios antes de almacenarlo o enviarlo.

¡ATENCIÓN! Riesgos de seguridad debido a accesorios y piezas de recambio equivocados.
Los accesorios y piezas de recambio no recomendados por Eppendorf merman la seguridad, el funcionamiento y la precisión del dispositivo. Por daños producidos por accesorios y piezas de recambio no recomendados por Eppendorf o por un uso incorrecto, Eppendorf queda eximido de cualquier responsabilidad o garantía.

- Utilice exclusivamente accesorios y piezas de recambio recomendados por Eppendorf.

2.3.2 Daños en el equipo

¡AVISO! Daños por sustancias químicas agresivas.

- De ninguna manera utilice sustancias químicas agresivas como, por ejemplo, bases fuertes o débiles, ácidos fuertes, acetona, formaldehídos, hidrógeno halogenado o fenol con el dispositivo y sus accesorios.
- Limpie el dispositivo inmediatamente con un producto de limpieza suave en caso de una contaminación con una sustancia química agresiva.

¡AVISO! Daños en el dispositivo por fumigación con sustancias químicas agresivas.

- No realice ninguna desinfección en el dispositivo por medio de fumigación.

¡AVISO! Corrosión producida por productos de limpieza y desinfección agresivos.

- No utilice productos de limpieza corrosivos ni disolventes agresivos o abrillantadores.
- No incube los accesorios durante un tiempo prolongado en productos de limpieza o desinfectantes agresivos.

¡AVISO! Daños en los componentes electrónicos debido a la formación de condensación.
Después de transportar el dispositivo de un entorno frío a un entorno más caliente se puede formar líquido de condensación en el dispositivo.

- Después de emplazar el dispositivo, debe esperar por lo menos 3 h. Una vez transcurrido este tiempo, puede conectar el dispositivo a la red eléctrica.

¡AVISO! Perjuicio del funcionamiento a causa de daños mecánicos.

- Realice una comprobación del equipo tras un daño mecánico para asegurarse de que las funciones de medición y evaluación del equipo funcionan correctamente.

¡AVISO! Daños por sobrecalentamiento.

- No coloque el dispositivo cerca de fuentes de calor (p. ej., calefacción, armario de desecación).
- No exponga el dispositivo a la radiación solar directa.
- Asegúrese de que la circulación de aire no se obstaculice. Mantenga una distancia mínima de 5 cm de todas las rendijas de ventilación.

¡AVISO! Daños materiales debido a una aplicación equivocada.

- Utilice el producto únicamente para el uso previsto que está descrito en el manual de instrucciones.
- Preste atención a una suficiente resistencia del material al aplicar sustancias químicas.
- En caso de dudas, consulte al fabricante de este producto.

¡AVISO! Daños causados por un embalaje incorrecto.
La empresa Eppendorf AG no asume ninguna responsabilidad por daños resultantes de un embalaje inapropiado.

- Sólo almacene y transporte el dispositivo dentro de su embalaje original.

¡AVISO! Daños a causa de una limpieza inadecuada del compartimento de la cubeta.

- Limpie el compartimento de la cubeta únicamente con un bastoncillo de algodón húmedo .(ver *Limpieza en pág. 73)*
- No deje que ningún líquido entre en el compartimento de la cubeta.
- No toque el interior del compartimento de la cubeta con los dedos.

2.4 Indicaciones relativas a la responsabilidad del producto

Los siguientes casos pueden reducir la protección prevista del aparato. La entidad explotadora asume entonces la responsabilidad por las lesiones personales y daños materiales producidos:

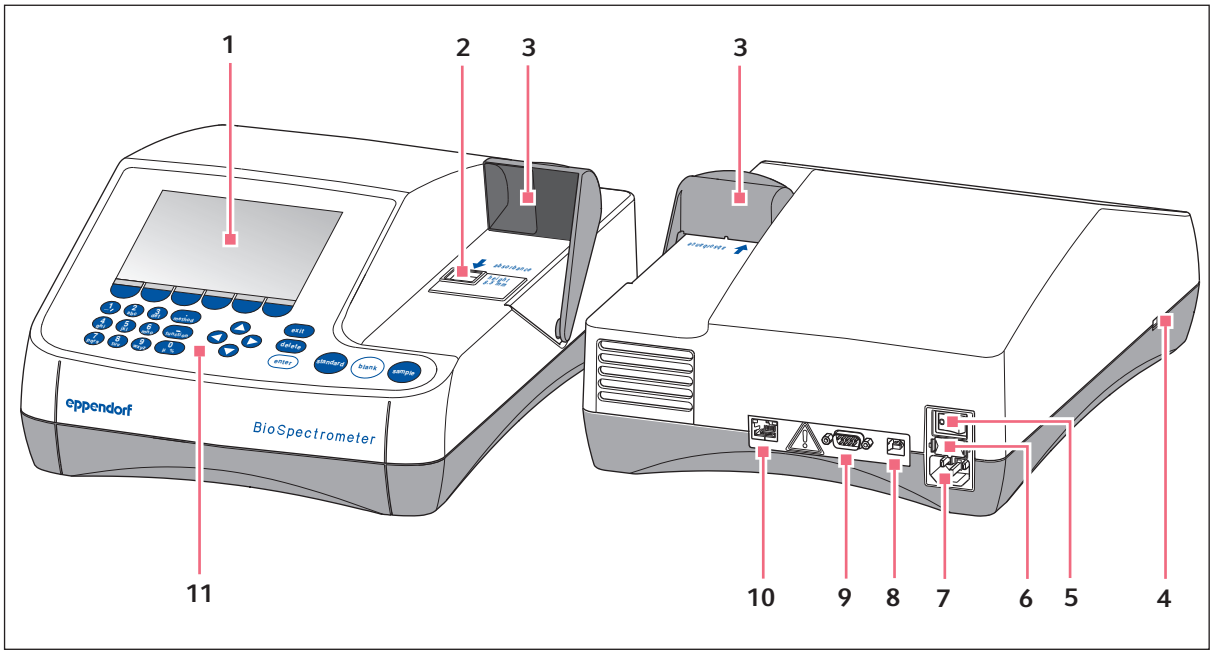
- El equipo no es utilizado de acuerdo con lo especificado en el manual de instrucciones.
- El equipo no es utilizado de acuerdo con lo prescrito.
- El equipo se utiliza con accesorios o consumibles no recomendados por Eppendorf.
- El equipo es mantenido o reparado por personas que no han sido autorizadas por Eppendorf AG.
- El usuario realiza modificaciones no autorizadas en el equipo.

2.5 Indicaciones de seguridad en el equipo

Representación	Significado	Lugar
	Lugar peligroso ▸ Tenga en cuenta el manual de instrucciones.	Parte trasera del equipo
	Si se abre el equipo, tiene que ser calibrado nuevamente. ▸ No abrir el equipo.	Lado inferior del equipo

3 Descripción del producto

3.1 Ilustración general



Imag. 3-1: Vista frontal y posterior

1 Indicador

2 Compartimento de la cubeta

3 Tapa del compartimento de la cubeta

4 Puerto USB para memoria USB e impresora

5 Interruptor de red

6 Portafusibles

7 Conexión a la red

8 Puerto USB para conexión de un ordenador (PC)

9 Conexión RS-232 para impresora

10 Conector hembra de Ethernet

11 Elementos de control

La placa de características se encuentra atrás a la izquierda en el lado inferior del equipo.

3.2 Alcance de suministro

Número	Descripción
1	**BioSpectrometer fluorescence**
1	**Cable de alimentación**
4	**4 UVette** Cubeta de plástico original de Eppendorf, embalada individualmente, PCR clean, Protein-free
1	**Instrucciones de uso en varios idiomas**

3.3 Características del producto

El BioSpectrometer fluorescence reúne dos procesos de medición espectroscópicos: la espectrofotometría y la fluorimetría. Puede realizar mediciones espectrofotométricas en el rango UV-VIS de 200 nm a 830 nm, así como mediciones fluorimétricas en dos combinaciones definidas de longitudes de onda en la parte visible del espectro (excitación: 470 nm/emisión: 520 nm y excitación: 470 nm/emisión: 560 nm). Está previsto para la medición de líquidos en cubetas para la investigación y el desarrollo en los campos de la biología molecular, biotecnología, bioquímica y biología celular. Puede utilizar cubetas de vidrio y de plástico en el rango volumétrico de 1 µL a 3.000 µL (fotometría) y/o de 60 µL a 3.000 µL (fluorimetría).

3.3.1 Métodos

Fotometría

Se han programado previamente múltiples métodos para la determinación de la concentración de ácidos nucleicos, proteínas y ácidos nucleicos y proteínas marcados con colorante así como el método **OD 600** para la determinación de la densidad de las bacterias mediante turbidimetría. Además, también se han programado plantillas de métodos para diferentes procesos de medición y evaluación (mediciones de una o varias longitudes de onda, registro de espectros, evaluaciones con factor, solución patrón y curva estándar). En base a los métodos y plantillas preprogramados se pueden crear métodos propios. Con las plantillas del grupo de métodos ***Absorbance*** puede medir rápidamente extinciones o espectros sin evaluaciones adicionales.

Fluorimetría

Se han programado previamente métodos para la determinación de la concentración de ácidos nucleicos con PicoGreen, RiboGreen, OliGreen y los reactivos Qubit, así como de proteínas con NanoOrange. También se incluyen variantes breves de los métodos de ácido nucleico para una medición rápida con solo dos soluciones patrón . Al igual que con la espectrofotometría, también se han programado previamente plantillas de métodos para procesos de evaluación diferentes (mediante factor, solución patrón y curva estándar).

3.3.2 Manejo

Los métodos y plantillas preprogramados están resumidos en grupos claros, de los cuales puede seleccionar rápidamente su método deseado. Después de llamar el método, será guiado paso a paso a través de la secuencia de medición. Un cuadro de ayuda en el indicador le proporciona indicaciones en caso necesario. Los 3 botones de medición circulares (**standard**, **blank**, **sample**) permiten el inicio directo y rápido de una medición.

3.3.3 Emisión de resultados

El BioSpectrometer fluorescence emite los resultados a través del indicador del equipo o a través de una impresora que se puede adquirir a través de Eppendorf. Los resultados se pueden transferir a una memoria USB, a una impresora o directamente a un ordenador a través del puerto USB del equipo. Cuando el equipo esté conectado a una red, los resultados pueden imprimirse en una impresora de red o enviarse por e-mail. No es posible guardar los resultados en una unidad de red.

3.3.4 Autocomprobación del equipo

Directamente después del encendido, el equipo comprueba automáticamente el funcionamiento correcto de la unidad espectrométrica y de la unidad de fluorescencia. Para comprobar el equipo de una manera más completa, active la función **Device calibration** (ver *Autocomprobación del equipo en pág. 80)*.

4 Instalación

4.1 Preparación de la instalación

- Guarde la caja de cartón y el material de embalaje para un eventual almacenaje o para un posterior transporte seguro.
- Compruebe la integridad del suministro en base a los datos referentes al alcance de suministro. (ver *Alcance de suministro en pág. 15)*
- Compruebe que ninguna pieza presente daños de transporte.

4.2 Seleccionar ubicación

Seleccione el lugar de emplazamiento del BioSpectrometer fluorescence según los siguientes criterios:

- 2 enchufes con toma de tierra para el BioSpectrometer fluorescence y para la impresora.
- Mesa de laboratorio fija con tabla de trabajo horizontal.
  Espacio requerido por el equipo: 50 cm de ancho (con impresora: 75 cm), 50 cm de profundidad.
- Temperatura: 15 °C a 35 °C.
- Evite fluctuaciones de temperatura (p. ej., debido a ventanas abiertas).
- Evite la luz solar directa.
- Humedad: 25 % al 70 % de humedad relativa.

Preste atención de que no se encuentren objetos debajo del equipo (p. ej. hojas sueltas, cuadernos) que puedan obstaculizar el suministro de aire.

4.3 Conexión del equipo a la red eléctrica

1. Coloque el BioSpectrometer fluorescence sobre una superficie de trabajo apropiada.
2. Cerciórese de que la tensión de la red y la frecuencia de la red coincidan con las indicaciones en la placa de características.
3. Conecte el equipo a la red eléctrica y enciéndalo accionando el interruptor principal.
4. Retire la lámina protectora del indicador.

4.4 Conexión del equipo con una red

La conexión del equipo con una red es opcional. También puede utilizar el equipo sin conexión a la red.
Información sobre ajustes de red (ver *Device Settings en pág. 68)*

Requisitos

Cable Ethernet (RJ45)

1. Conecte el cable de Ethernet con el conector hembra de la red.
2. Conecte el cable de Ethernet con el conector hembra de Ethernet **10** (ver *Ilustración general en pág. 15)*.

Impresora de red
El equipo detecta una impresora de red automáticamente con las condiciones siguientes:
- La impresora se encuentra en el mismo segmento de red que el equipo.
- La impresora es compatible con el protocolo Zeroconf.
- La impresora es compatible con PostScript.

4.5 Conexión de la impresora al puerto USB

4.5.1 Impresora térmica DPU-S445

Requisitos

En el equipo está instalado el software de la versión 3.4.4.0 o superior.

En los ajustes de la impresora se ha seleccionado la impresora térmica DPU-S445 (ver *Device Settings en pág. 68)*.

Conecte la impresora térmica DPU-S445 al puerto USB para impresoras.

1. Conecte el cable de impresora al puerto USB para impresoras **4** (ver *Ilustración general en pág. 15)*.
2. Conecte el cable de impresora con la impresora.
3. Conecte la impresora con la fuente de alimentación y el cable de alimentación suministrados (accesorios de la impresora) a la red eléctrica y encienda la impresora.

   En las instrucciones de uso de la impresora encontrará indicaciones respecto a la impresora.

4.6 Conexión de un ordenador o memoria USB para la exportación de datos

Puede conectar una memoria USB, formateada en FAT-32, en el puerto USB **4** (ver *Ilustración general en pág. 15)*.

Alternativamente también puede conectar el equipo directamente a un ordenador vía cable USB para la exportación de datos:

Requisitos

- PC con Windows, versión XP, SP2 o versión superior.
- Cable USB con un conector tipo A y uno tipo B, respectivamente.

▸ Conecte el equipo al ordenador enchufando el cable USB en el puerto USB **8** (ver *Ilustración general en pág. 15)*.

- No se requiere ningún software para PC especial para la transmisión de datos: los paquetes de datos transmitidos son registrados por el ordenador como si se tratase de una memoria USB, es decir como un soporte de datos intercambiable. Para visualizar los datos, únicamente tiene que abrir el paquete de datos registrado.
- La transferencia de datos a la memoria USB o al ordenador se inicia en el paso **print & export** (ver *print & export en pág. 59)* del método una vez finalizada la serie de mediciones.

5 Manejo

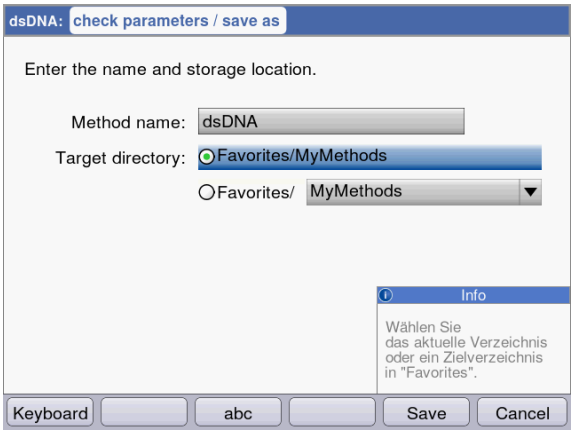
5.1 Visión general de los elementos de control

Imag. 5-1: Elementos de control del BioSpectrometer fluorescence

Tecla	Función
	Teclado: introducción de texto y números. Teclas **1** a **9** y **0**: durante la introducción de texto usted también puede introducir letras y caracteres especiales, aparte de números, mediante pulsación repetida de una tecla. Alternativamente puede conmutar a un teclado superpuesto con [Keyboard].
 	Fuera de los campos de entrada: llamar la selección de métodos. Fuera de los campos de entrada: llamar la selección de funciones.
	Tecla programable: selección de funciones. La asignación de la tecla cambia con el diálogo del software. La función actual es indicada en el indicador directamente encima de la tecla.
	Mover el cursor hacia la izquierda, derecha, hacia arriba y hacia abajo. • Navegar entre los campos de entrada. • Teclas de cursor ◀ y ▶ dentro de un campo de entradas: navegar dentro de una secuencia de caracteres. • Teclas ▲ y ▼ dentro de una indicación de resultados: navegar entre los resultados de una serie de mediciones. • Teclas ◀ y ▶ dentro de un gráfico: navegar en el eje x del gráfico para, p. ej., indicar los valores de extinción dependientes de la longitud de onda en un escaneo. Teclas ▲ y ▼ en un espectro de longitudes de onda de extinción: modificar la sección de imagen (método **SpectraZoom**) (ver Tab. en pág. 56).
   	Salir de la selección actual al siguiente nivel superior. Borrar la entrada. En una secuencia de caracteres se borra el caracter a la izquierda del cursor. • Activar el método o la función seleccionados. • Abrir la lista de selección. • Confirmar la entrada o selección.
   	Iniciar la medición de la solución patrón. Iniciar la medición del blanco. Iniciar la medición de la muestra.

5.1.1 Introducción de texto

Es posible entrar texto para darle un nombre a un método o para indicar la unidad del resultado.
Limitación: para nombres de métodos sólo están permitidos números y letras, así como el guión bajo ("_").



Introducción a través del teclado:
Con las teclas de cursor ◀ y ▶ puede navegar dentro del campo de entrada y modificar posiciones individuales en el nombre.
Teclas programables:

- [Keyboard]: visualizar el teclado.
- [abc]: cambiar entre letras en mayúscula y minúscula al introducir texto vía teclado.
- [Save]: guardar el texto introducido.
- [Cancel]: cancelar la entrada de texto.

Introducción a través del teclado superpuesto:
Con las teclas de cursor selecciona los caracteres superpuestos y los confirma pulsando la tecla **enter**.
Igual que en un teclado de ordenador, usted puede conmutar con la tecla "Shift" y/o tecla fijadora entre escritura en mayúsculas y minúsculas para la siguiente y/o para todas las siguientes entradas.
Teclas programables:

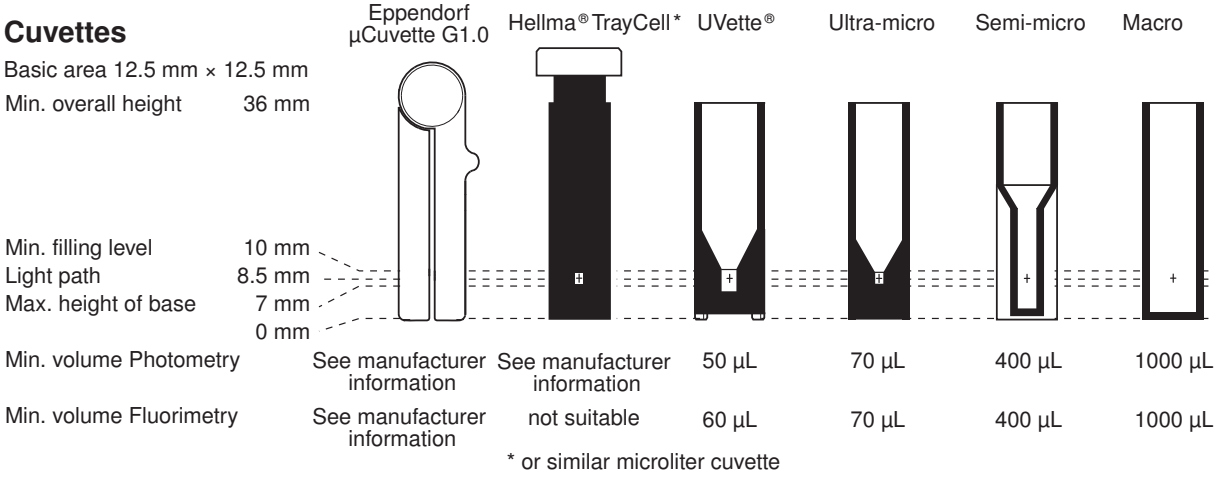
- [Numbers]: cambiar a entrada vía teclado.
- [Save]: guardar el texto introducido.
- [Cancel]: cancelar la entrada de texto.

5.2 Inserción de la cubeta

En el compartimento de la cubeta puede insertar cubetas rectangulares de vidrio o plástico habituales en el mercado:

- Medidas exteriores: 12,5 mm × 12,5 mm
- Altura del recorrido óptico: 8,5 mm sobre el fondo de la cubeta
- Altura total: por lo menos 36 mm

Las cubetas tienen que ser ópticamente transparentes a la respectiva longitud de onda de medición. Para mediciones en el sector ultravioleta del espectro, Eppendorf ofrece con la UVette una cubeta de plástico que en longitudes de onda a partir de 220 nm es transparente y, por ello, también es adecuada para la medición de ácidos nucleicos.

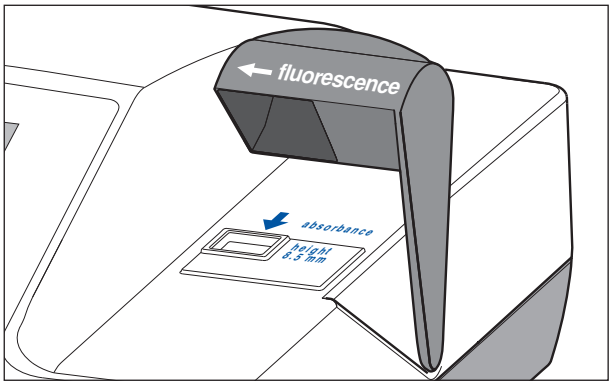


Requisitos

- La cubeta está libre de contaminación causada por polvo o huellas digitales y libre de arañazos.
- El compartimento de la cubeta está libre de partículas, polvo y líquido.
- El volumen de medición en la cubeta es suficiente. Prestar atención al volumen de medición mínimo.
- La solución de medición está libre de partículas y burbujas.
- Fluorimetría: la solución de medición está libre de sustancias que muestren una fluorescencia propia no deseada o debiliten la fluorescencia de la sustancia a analizar.
- La temperatura de la cubeta se encuentra por encima de la temperatura del punto de rocío que vale para las condiciones ambientales (humedad y temperatura).

La dirección del recorrido óptico está marcada con un flecha en la carcasa.

- Fotometría: la dirección del haz de luz (de atrás hacia adelante) está marcada en la carcasa: "absorbance".
- Fluorimetría: la dirección del haz de luz (de derecha a izquierda y de vuelta atrás) está marcada en la tapa del compatimento de la cubeta: "fluorescence".



Imag. 5-2: Identificación de los recorridos ópticos

1. Posicione la cubeta así que la ventana óptica de la cubeta muestre en dirección del recorrido óptico.
2. Al insertar la cubeta, presiónela hasta el fondo superando una ligera resistencia.
3. Fluorimetría: cerrar la tapa del compartimento de la cubeta antes de la medición.

5.3 Visión general de la secuencia de medición

5.3.1 Preparación de la medición

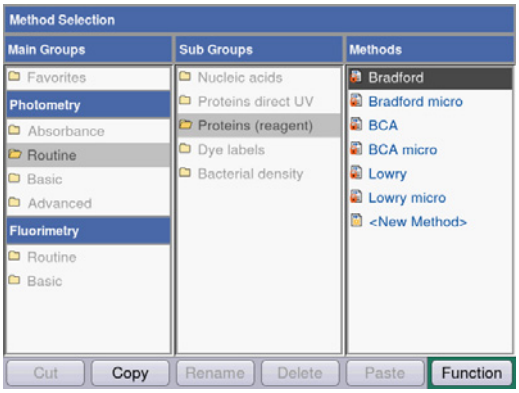
1. Encienda el equipo y también la impresora, dado el caso.

   El equipo realizará una autocomprobación (duración: aprox. 1 minuto) y mostrará la selección de métodos.
2. Ponga las cubetas a disposición para la medición (ver *Inserción de la cubeta en pág. 26)*.
3. Prepare las soluciones de medición para las mediciones de los blancos, en caso necesario de las soluciones patrón y de las muestras.
4. Abra la tapa del compartimento de la cubeta.

Las soluciones de medición para soluciones patrón y muestras con extinciones inferiores a 0,05 A no deben utilizarse. El límite de determinación del equipo es mucho menor, sin embargo la influencia de las perturbaciones procedentes de las soluciones de medición (p. ej., partículas, burbujas, turbiedades) en la fiabilidad de los resultados con estas extinciones tan reducidas es muy alta. Para más información, p. ej., la Userguide n° 013, consulte nuestra página de Internet www.eppendorf.com.

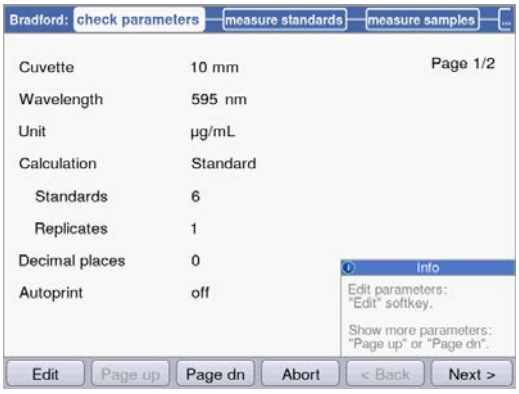
5.3.2 Secuencia de medición

5.3.2.1 Selección del método



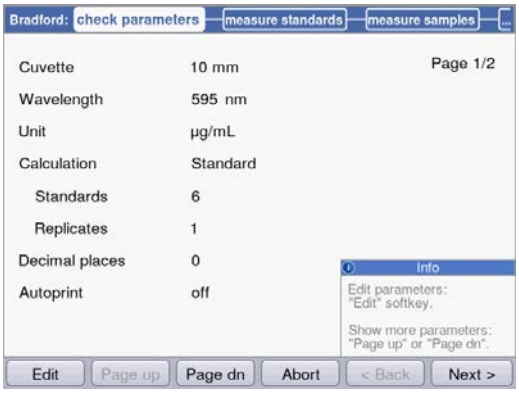
- Seleccione con las teclas de cursor el método deseado y llámelo pulsando la tecla **enter**.

En el siguiente capítulo (ver *Métodos en pág. 33)* encontrará una visión general y una descripción detallada de todos los métodos.



Wizard: el wizard en el borde superior de la pantalla le guiará paso a paso a través del procedimiento del método.
Cuadro de ayuda: en cada paso del procedimiento aparecen textos de ayuda en la parte inferior derecha de la pantalla.
Teclas programables: con las teclas programables [< Back] y [Next >] se desplaza un paso hacia adelante o hacia atrás dentro del wizard.

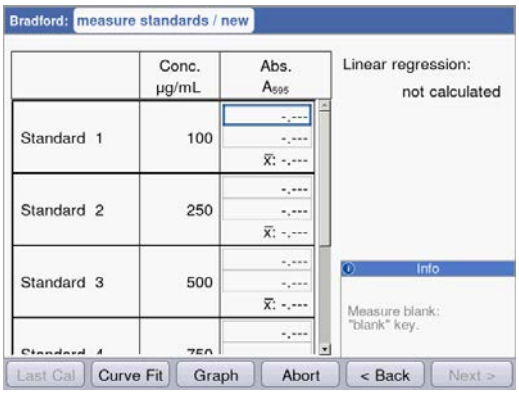
5.3.2.2 Comprobación de parámetros



- Compruebe los ajustes de los parámetros. Con las teclas programables [Page dn] y [Page up] llama las páginas de la lista de parámetros. Con [Edit] modifica y guarda los parámetros.

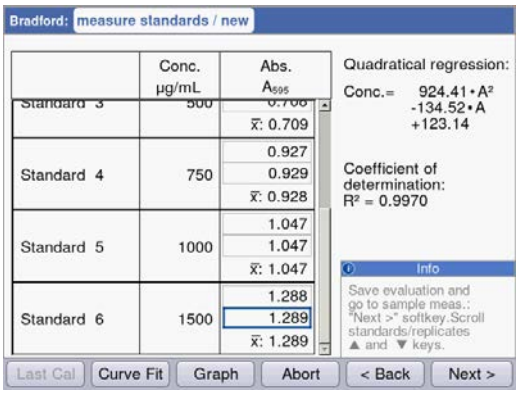
5.3.2.3 Mediciones de blancos y soluciones patrón

En una evaluación sin soluciones patrón (p. ej., mediciones de ADN) no se requiere este paso de método.



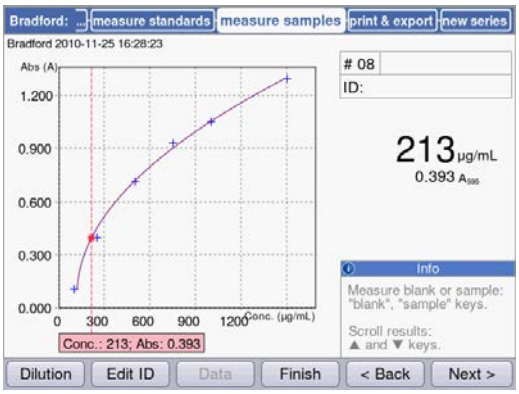
1. Mida primero un blanco (tecla **blank**).
2. Luego mida sucesivamente todas las soluciones patrón (tecla **standard**).

En el indicador está marcada la siguiente solución patrón que se tiene que medir. Con las teclas programables [Graph] y/o [Table] puede cambiar la visualización de resultados.



- Con [Next] acepta la evaluación calculada a partir de los resultados de las soluciones patrón.

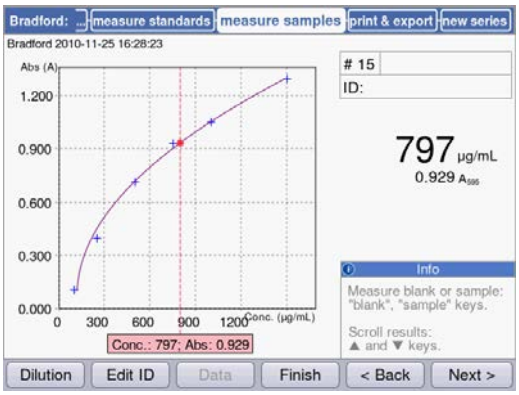
5.3.2.4 Medición de muestras



- Con la tecla **sample** mide sus muestras una tras otra.

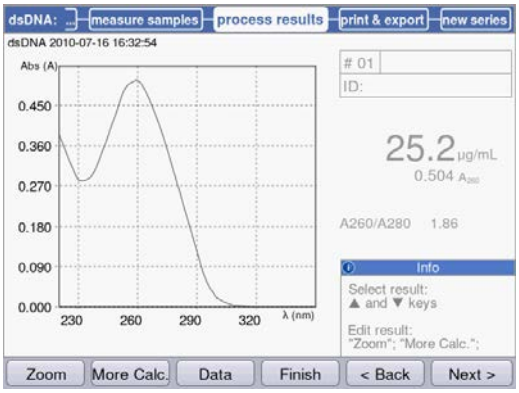
Los resultados de blancos permanecen almacenados para una serie de medición. Una nueva medición de un blanco, sin embargo, se puede realizar en cualquier momento. (En la ilustración aquí mostrada de una secuencia de medición con evaluación vía curva estándar se muestra el gráfico de la evaluación además del resultado de la muestra.)

5.3.2.5 Finalización de un método



1. Pulse [Finish] para finalizar la serie de mediciones y retornar a la selección de métodos.
2. Después de la finalización de todas las mediciones, apague el equipo y cierre el compartimento de la cubeta para protegerlo contra suciedad.

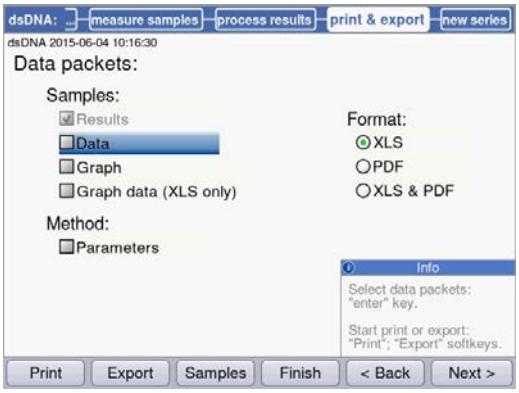
5.3.2.6 Opcional: repasar resultados



En algunos métodos tiene la posibilidad de retocar los resultados en el paso **process results**. Por ejemplo, puede utilizar la función de zoom **SpectraZoom** en los espectros.

- Seleccione con las teclas de cursor ▲ y ▼ los resultados de la serie de medición que desee retocar.

5.3.2.7 Impresión y exportación



1. Compile paquetes de datos para todas las muestras o para muestras seleccionadas.
2. Imprima los datos, guárdelos en una memoria USB o expórtelos a un ordenador vía cable USB o por correo electrónico.

5.3.3 Indicaciones importantes para las mediciones

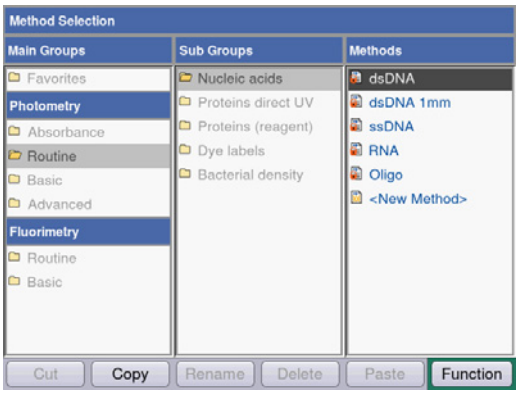
A tener en cuenta en cada medición:

- En caso de cubetas de plástico: ¿cuántas mediciones consecutivas se pueden realizar de modo fiable en la cubeta?
- Mida el blanco de la cubeta antes de realizar mediciones de muestras o de soluciones patrón para compensar el blanco del reactivo y también el de la cubeta.
- Los resultados de blancos permanecen almacenados para una serie de mediciones. Una nueva medición de blanco, sin embargo, es posible en cualquier momento, incluso entre mediciones de muestras.
- Los valores de extinción y valores RFU indicados siempre se corresponden con los valores directamente medidos. El factor de dilución o de cubeta y las extinciones de fondo no se incluyen hasta llegar al cálculo del resultado posterior (ver *Valores de extinción en pág. 99)*.
- Desde el inicio de una medición hasta la indicación de un resultado de medición transcurre típicamente un tiempo de aprox. 2 a 3 segundos. Si cae poca luz sobre el receptor (con valores de extinción altos o valores RFU bajos), el tiempo de medición se puede prolongar automáticamente hasta 9 segundos (fotometría) y/o hasta 6 segundos (fluorimetría) para aumentar la precisión de la medición.
- Preste atención de que los valores de extinción medidos no excedan el límite superior del campo de medida fotométrico. En este caso deseche el resultado de la medición. El límite superior del campo de medida fotométrico no sólo depende de la longitud de onda (ver *Propiedades fotométricas en pág. 96)*, sino también del blanco de la cubeta. Las ultra-microcubetas con diafragma pequeño como la **TrayCell** (Hellma) pueden tener un blanco de hasta aprox. A = 1. El campo de medida fotométrico disponible es reducido por este valor. Puede estimar el blanco de la cubeta si mide la cubeta llena de agua desmineralizada como muestra contra el compartimento de cubeta vacío como blanco. El blanco de la Eppendorf µCuvette G1.0 se puede despreciar (aprox. A = 0).
  Fluorimetría: una fluorescencia propia elevada de la cubeta (típica en las cubetas de plástico) puede limitar el rango de medición disponible.
- Elimine la solución de medición completamente después de la medición y antes de que eche la siguiente solución de medición para minimizar la contaminación por arrastre. Si a causa de altas diferencias de concentraciones se espera que haya contaminación por arrastre de una muestra a la siguiente, lave la cubeta entre las mediciones.
- En caso de diferencias de temperatura entre la lámpara y el entorno puede producirse una deriva fotométrica. Por ello tiene que esperar a que un equipo proveniente de un entorno más frío alcance la temperatura ambiente.
  Evite cambios de temperatura bruscos. Realice una nueva medición de blancos en caso de series de medición prolongadas o en caso de mediciones después de un período de tiempo prolongado.

6 Métodos

6.1 Selección del método

Los métodos y las plantillas de métodos ya están preprogramados en el momento de la entrega. Los dos grupos principales **Photometry** y **Fluorimetry** están divididos en subgrupos.



Métodos protegidos contra escritura		Los métodos más importantes de la biología molecular. Pueden modificar los parámetros, pero luego solamente guardarlos bajo un nuevo nombre de método.
Métodos no protegidos contra escritura		Pueden modificar los parámetros de cualquier forma y, después de guardarlos, pueden empezar directamente con la medición.
Plantillas para métodos nuevos		Cada grupo de métodos contiene una plantilla que ya está preprogramada con juegos de parámetros completos para facilitar la programación de métodos nuevos. Los parámetros se pueden modificar sin ninguna restricción y luego guardar bajo un nombre nuevo.

Para llamar un método, seleccione con las teclas de cursor primero el grupo principal, luego el subgrupo y finalmente el método. Confírmelo con **enter**.

Tab. 6-1: Métodos fotométricos

Absorbance	Métodos para mediciones de extinción rápidas y sencillas sin evaluaciones adicionales.
Routine	Métodos de la biología molecular utilizados con frecuencia. Los métodos están preprogramados fijamente. Una modificación de parámetros es posible guardando el método bajo un nombre nuevo.
Basic	Métodos para la evaluación de mediciones de extinción con factor, solución patrón o curva/línea recta de solución patrón.
Advanced	Métodos para la evaluación de procedimientos de medición de dos longitudes de onda.
Favorites	En ***Favorites*** puede crear sus propias carpetas con **<New Folder>** y copiar los métodos frecuentemente utilizados a estas carpetas para poder acceder a estos métodos con más rapidez.

Tab. 6-2: Métodos fluorimétricos

Routine	Mediciones fluorimétricas de ácidos nucleicos y proteínas con los reactivos de la empresa Invitrogen. (Es posible que se requiera una licencia de la empresa Molecular Probes, Inc., Eugene, OR, EE.UU. o de la empresa Invitrogen Corporation, Carlsbad, CA, EE.UU. para la realización de estos procedimientos.)
Basic	• Métodos para la evaluación de mediciones de fluorescencia con solución patrón o curva/línea recta de solución patrón. • Método **Raw fluorescence** para la medición rápida de la fluorescencia sin ninguna evaluación.

En todas las carpetas puede crear nuevos métodos con **<New Method>**.

En ***Favorites*** puede crear sus propias carpetas (p. ej., para una asignación orientada a personas), renombrarlas y borrarlas.

Tab. 6-3: Teclas programables en la selección de métodos

[Cut] y [Paste]	Recortar e insertar métodos.
[Copy] y [Paste]	Copiar e insertar métodos.
[Delete]	Borrar métodos.
[Rename]	Renombrar métodos.

Puede insertar los métodos copiados o recortados o bien en otra carpeta bajo ***Favorites*** o bien bajo un nombre nuevo en la carpeta original. Navegue con las teclas de cursor a la columna **Methods** de la carpeta deseada y pulse [paste] para insertar el método.

6.2 Descripción de métodos fotometría

En este capítulo se describen los métodos y las plantillas de métodos preprogramados.

6.2.1 Grupo de métodos *Absorbance*

Single λ
- Medición de extinción en una sola longitud de onda.
- Ninguna evaluación posterior.

Multi λ
- Mediciones de extinción en dos a seis longitudes de onda.
- Ninguna evaluación posterior.

Scan
- Medición de un espectro de longitudes de onda de extinción a lo largo de un rango de longitudes de onda definido.
- Indicación de longitud de onda y extinción en el espectro mediante navegación con un cursor de longitudes de onda.
- La modificación de la sección del espectro a través de 3 diferentes variantes de zoom es posible.
- Detección de pico (Peak) posible.

6.2.2 Grupo de métodos *Routine*

Los métodos del grupo ***Routine*** están preprogramados como métodos fijos. Por ello, después de la modificación de parámetros de métodos en los métodos preprogramados de manera fija, se tiene que otorgar un nombre de método nuevo.

Nucleic acids

- Determinación de la concentración de ácidos nucleicos mediante medición a 260 nm y evaluación vía factor.
- Diferentes métodos de ácidos nucleicos como dsDNA o RNA están preprogramados. Los parámetros se diferencian por el factor.
- Método preprogramado para cubetas de microlitros: medición de ADN en volúmenes de muestra en el rango de microlitros con un paso óptico de 1 mm (con cubetas de microlitros como Eppendorf µCuvette G1.0 o Hellma® TrayCell).
- Información adicional acerca de la pureza del ácido nucleico medido: ratio A260/A280, ratio A260/A230, espectro de longitudes de onda de extinción del ácido nucleico, extinción de la longitud de onda de fondo (preajuste: 320 nm; la extinción del ácido nucleico puro debería ser aquí aprox. cero).
- Una corrección de turbiedad parcial a través del parámetro **Background** es posible.
- Una conversión de las concentraciones en concentraciones molares, así como en cantidades de ácido nucleico (tras entrada del volumen de la muestra) es posible (paso de método: **process results**).

Proteins direct UV

- Determinación de la concentración de proteínas a través de una medición a 280 nm y evaluación vía factor o solución patrón.
- Métodos preprogramados para la emisión directa de las extinciones como resultado *(Protein A 280)*, así como para la evaluación vía coeficiente de extinción específico de la albúmina *(Albumin A 280)*.
- Método preprogramado para cubetas de microlitros: medición de proteína en volúmenes de muestra en el rango de microlitros con un paso óptico de 1 mm (con cubetas de microlitro como Eppendorf µCuvette G1.0 o Hellma® TrayCell).
- Información adicional acerca de la pureza de la proteína medida: extinción de la longitud de onda de fondo (preajuste: 320 nm; la extinción de la proteína pura debería ser aquí aprox. cero).
- Una corrección de turbiedad parcial a través del parámetro **Background** es posible.
- En la programación de métodos se importa el factor correspondiente mediante la simple selección de la proteína de una lista predeterminada. La definición de los factores se realiza por separado en las funciones del grupo **Gen. method param.** Diferentes proteínas están preprogramadas en **Gen. method param.**. Puede añadir otras proteínas más.

Proteins (with reagent)

- Determinación de la concentración de proteínas mediante medición según reacciones de color y evaluación vía soluciones patrón o factor (típico: evaluación con curva de solución patrón).
- Los métodos *Bradford, Bradford micro, Lowry, Lowry micro, BCA y BCA micro* ya están preprogramados. Según el fabricante del reactivo tal vez se tenga que modificar el parámetro "Curve fit" (tipo de curva de solución patrón).

Dye labels

- Para biomoléculas marcadas con colorante: determinación de la concentración de la biomolécula (ácido nucleico o proteína) mediante medición a 260 y/o 280 nm y del colorante en un solo procedimiento de medición.
- Evaluación con factor. Aparte de la biomolécula también se pueden medir paralelamente hasta dos colorantes a dos distintas longitudes de onda.
- Además evaluación de la frecuencia de incorporación del colorante (FOI). Selección entre dos diferentes métodos de cálculo de FOI.
- Métodos ya preprogramados: *ssDNA,* marcado con *Cy 3* y/o *Cy 5*.
- La corrección de la influencia del espectro del colorante sobre la exactitud de la medición de las biomoléculas es posible.
- Una corrección de turbiedad parcial a través del parámetro **Background** es posible.
- Información adicional acerca de la pureza de las sustancias medidas: ratio A260/A280 y ratio A260/A230 (valores de ratio solamente para ácidos nucleicos), espectro de longitudes de onda de extinción.
- En la programación de métodos se importan diversos parámetros correspondientes como longitudes de onda de medición y factores de evaluación a partir de unas listas predeterminadas mediante simple selección de la biomolécula y del colorante. La definición de estos parámetros se realiza por separado en las funciones del grupo **Gen. method param.** Diferentes ácidos nucleicos, proteínas y colorantes están preprogramados en **Gen. method param.** . Puede añadir otros ácidos nucleicos, proteínas y colorantes más.
- Sólo para ácidos nucleicos marcados: una conversión de las concentraciones en concentraciones molares, asi como en cantidades de ácidos nucleicos y colorantes (tras la entrada del volumen de la muestra) es posible (paso de método: **process results**).

Bacterial density

- Medición de la turbiedad para determinar la densidad de bacterias.
- La medición a 600 nm ya está preprogramada.
- Información adicional: espectro de longitudes de onda de extinción.

6.2.3 Grupo de métodos *Basic*

Factor, Standard

- Medición en una longitud de onda y evaluación vía factor o solución patrón.
- Los métodos para la evaluación vía factor y solución patrón están preprogramados.

Calibration curve

- Medición en una longitud de onda y evaluación posterior con una serie de 2 a 12 soluciones patrón.
- Diversos procedimientos de evaluación ("Curve fit") como regresión lineal y regresión no lineal son seleccionables.
- Representación gráfica y en forma de tabla de los resultados de solución patrón.
- El uso de la última evaluación de solución patrón guardada es posible.
- Un método para la evaluación con curva de solución patrón está preprogramado.

6.2.4 Grupo de métodos *Advanced*

Dual wavelength

- Medición en dos longitudes de onda y evaluación de los valores de extinción medidos con ayuda de dos fórmulas básicas (subtracción, división)
- Es posible definir variantes de las fórmulas básicas.
- El resultado se puede evaluar con un factor, una solución patrón o una serie estándar.
- Los métodos para el cálculo vía subtracción, así como vía división y la evaluación posterior con factor están preprogramados.

6.3 Descripción de métodos: fluorimetría

6.3.1 Grupo de métodos: *rutina*

Los métodos del grupo ***Routine*** están preprogramados como métodos fijos. Después de modificar los parámetros de método en los métodos preprogramados, debe adjudicarse un nuevo nombre para el método.

Los siguientes métodos preprogramados se basan en las especificaciones de trabajo de la empresa Invitrogen para el reactivo correspondiente. La realización de este proceso podría requerir una licencia de la empresa Molecular Probes, Inc., Eugene, OR, EE.UU. o Invitrogen Corporation, Carlsbad, CA, EE.UU.

Ácidos nucleicos

Detección fluorimétrica de la concentración de ácidos nucleicos tras la reacción con reactivos.

- Medición de ADN con PicoGreen, evaluación de curva/recta estándar.
- Medición de ARN con RiboGreen, evaluación de curva/recta estándar.
- Medición de oligonucleótidos con OliGreen, evaluación de curva/recta estándar.

Las variantes del programa de métodos se han programado como "short methods". En "short methods" puede medir con sólo dos estándares (el estándar cero y otro estándar). Los resultados no son tan precisos como en la medición con varios estándares, sin embargo, la exactitud es suficiente para muchos fines, ya que la curva estándar (relación entre señal de medición y concentración) es aproximadamente lineal.

- Medición de ADN con reactivos Qubit, evaluación de curva/recta estándar.
  Ningún "short method", ya que la curva estándar no es lineal.

Proteínas

Detección fluorimétrica de la concentración de proteínas tras la reacción con reactivos.

- Medición de proteínas con NanoOrange, evaluación de curva/recta estándar.
  El método se basa en una especificación de trabajo de la empresa Invitrogen para este reactivo.
  Ningún "short method", ya que la curva estándar no es lineal.

Los métodos con reactivos Qubit varían de las especificaciones de trabajo de la empresa Invitrogen. Deben realizarse además dos diluciones estándar.

Para la preparación de muestras y la realización puede recibir más información de Eppendorf. Los datos de contacto de Application Support se encuentran en la parte de atrás del manual de instrucciones.

6.3.2 Grupo de métodos *Basic*

Raw fluorescence
- Medición de la RFU.
- Hay un método preprogramado para la medición en la longitud de onda de medición 520 nm.

Estándar
- Medición de la RFU y evaluación con estándar.
- Hay un método preprogramado para la evaluación con estándar.

Calibration curve
- Medición de las RFU y evaluación con 2 a 12 estándares
- Se pueden seleccionar distintos procedimientos de evaluación como regresión lineal ("Curve fit") o regresión no lineal.
- Indicación gráfica y tabular de los resultados estándar.
- Es posible usar la última evaluación estándar guardada.
- Hay un método preprogramado para la evaluación con curva de calibración.

6.4 Parámetros de método

En este capítulo se explican los parámetros para la programación de los métodos. El orden de los parámetros así como es indicado en el equipo puede variar ligeramente en unos pocos métodos en comparación con el orden en la tabla para representar los parámetros en la pantalla de una manera más clara. La tabla representa la totalidad de los parámetros que están disponibles para los diferentes métodos. Para cada método solamente se requiere una pequeña parte de estos parámetros que son representados en la pantalla.

Parámetros	Entrada	Explicación
Cubeta	Selección: 10 | 5 | 2 | 1 | 0,5 | 0,2 | 0,1 mm	Recorrido óptico de la cubeta. Los valores de extinción siempre son convertidos automáticamente por el equipo a un espesor de capa de 10 mm de una cubeta estándar (ver *Valores de extinción en pág. 99)*. Por ello, factores como "50" para el cálculo de concentraciones de dsDNA no tienen que ser modificados por usted cuando modifique el parámetro **Cuvette**.
No. of wavelengths	Entrada de valores: Rango: 2 a 6.	Sólo para el grupo de métodos **Multi λ**. Número de las longitudes de onda en las que se debe medir.
Wavelength	Entrada de valores: Longitud de onda de medición en nm. Rango: 200 a 830 nm.	Longitud de onda de medición: en base a la extinción medida en esta longitud de onda se calcula la concentración. En los grupos de métodos **Multi λ** y **Dual wavelength** se introduce más de una longitud de onda. Para algunos grupos de métodos (p.ej. **Nucleic acids** y **Proteins direct UV**) las longitudes de onda están preprogramadas fijamente. En el grupo de métodos **Dye labels** no introduce las longitudes de onda de medición individualmente durante los pasos del método. Usted las importa automáticamente de la función **General Method Parameters** a través de la simple selección de biomolécula y colorante.

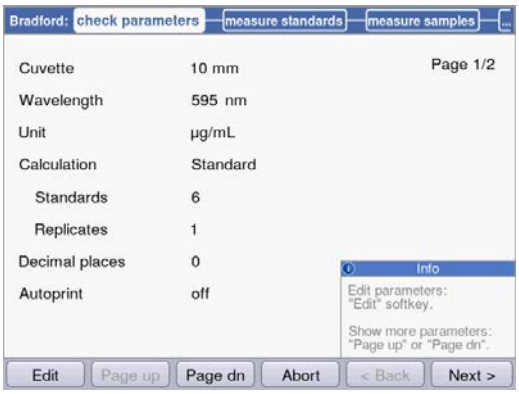
Parámetros	Entrada	Explicación
Wavelength (em)	Selección: 520 nm | 560 nm	Sólo para el grupo de métodos fluorimétricos **Basic**: Longitud de onda de medición: en base a la fluorescencia medida en esta longitud de onda (longitud de onda de emisión) se calcula la concentración. En los métodos del grupo **Routine** la longitud de onda está preprogramada de manera fija.
Wavelength (ex)	Ninguna entrada posible. Longitud de onda: 470 nm	Sólo para los grupos de métodos fluorimétricos: Se muestra la longitud de onda de excitación de 470 nm.
Unit	Selección: mg/mL | µg/mL | ng/mL | pg/mL | µg/µL | mg/dL | µmol/mL | nmol/mL | pmol/mL | pmol/µL | U | U/mL | U/L | % | Abs | A/min Libre programabilidad adicional de otras unidades en la función **General Method Parameters/Units**. Máx. 7 dígitos.	Unidad para el resultado de concentración. La selección está limitada en los métodos fíjamente preprogramados del grupo ***Routine*** a unidades que son útiles para estos métodos.
Formula type	Selección: division | subtraction	Sólo para el grupo de métodos **Dual wavelength**. Tipo de fórmula para el cálculo de las extinciones en las dos longitudes de onda antes de la evaluación con factor o solución patrón.
Formula: *a*	Entrada de valores: Valor para *a* en la fórmula de evaluación. Límite: máx. 5 digitos incluyendo el punto decimal.	Sólo para el grupo de métodos **Dual wavelength**. Valor para *a* en las fórmulas: *[(a*A1) / (b*A2)] * c + d* y *[(a*A1) - (b*A2)] * c + d*.
Formula: *b*	Entrada de valores: Valor para *b* en la fórmula de evaluación. Límite: máx. 5 digitos incluyendo el punto decimal.	Sólo para el grupo de métodos **Dual wavelength**. Valor para *b* en las fórmulas: *[(a*A1) / (b*A2)] * c + d* y *[(a*A1) - (b*A2)] * c + d*.
Formula: *c*	Entrada de valores: Valor para *c* en la fórmula de evaluación. Límite: máx. 5 digitos incluyendo el punto decimal.	Sólo para el grupo de métodos **Dual wavelength**. Valor para *c* en las fórmulas: *[(a*A1) / (b*A2)] * c + d* y *[(a*A1) - (b*A2)] * c + d*.

Parámetros	Entrada	Explicación
Formula: *d*	ENtrada de valores: Valor para *d* en la fórmula de evaluación. Límite: máx. 5 digitos incluyendo el punto decimal.	Sólo para el grupo de métodos **Dual wavelength**. Valor para *d* en las fórmulas: *[(a*A1) / (b*A2)] * c + d* y *[(a*A1) - (b*A2)] * c + d*.
Calculation	Selección: Factor | Standard	Procedimiento de evaluación para el cálculo de la concentración de la muestra a partir de la extinción medida.
Factor	Entrada de datos: Factor. Límite: máx. 6 digitos incluyendo el punto decimal.	Factor para la conversión de valores de extinción/RFU en concentración. En los siguientes grupos de métodos también es posible introducir factores negativos: **Dual wavelength, Factor**. En el grupo de métodos **Dye labels** los factores no se introducen individualmente durante los pasos del método. Los factores se importan automáticamente de la función **General Method Parameters** a través de la simple selección de biomolécula y colorante.
Protein	Selección: Lista de tipos de proteína que están incluidos en la función **General Method Parameters/Proteins**.	Sólo para los grupos de métodos **Dye labels** y **Proteins direct UV.** En la selección de la proteína también se importa de la función **General Method Parameters/Proteins** el allí programado parámetro correspondiente **Factor**.
Standards	Entrada de valores: Número de soluciones patrón. Rango: 1 a 12.	Número de las diferentes concentraciones patrón para la evaluación con soluciones patrón. En algunos métodos, el área para el número de soluciones patrón está limitada a un área más pequeña que del 1 al 12.
Replicates	Entrada de valores: Número de réplicas por solución patrón. Rango: 1 a 3.	Número de las mediciones de repetición para las diferentes concentraciones patrón.
Std. Conc.	Entrada de valores: Valores de concentración de las soluciones patrón. Límite: máx. 6 dígitos incluyendo el punto decimal.	Según el número de soluciones patrón, este parámetro se ofrece para todos las soluciones patrón (p. ej.: Std. Conc. 1, Std. Conc. 2, ...).
Decimal places	Entrada de valores: Número de partes decimales para el resultado. Rango: 0 a 3.	Número de partes decimales para el resultado de concentración calculado.

Parámetros	Entrada	Explicación
Dye 1	Selección: Lista de colorantes que están incluidos en la función **General Method Parameters/ Dyes**.	Sólo para el grupo de métodos **Dye labels**. En la selección del colorante también se importan de la función **General Method Parameters/Dyes** los parámetros allí programados que corresponden al colorante: factor, longitud de onda, factores de corrección para la medición a 260 y/o 280 nm (véase la descripción del siguiente parámetro).
Correct A260 1	Selección: on | off	Sólo para el grupo de métodos **Dye labels**. Corrección de la influencia del espectro del colorante sobre la extinción en la longitud de onda de medición de la biomolécula (260 y/o 280 nm). Los espectros de los colorantes tienen en parte una extinción reducida a 260 y 280 nm. Estas extinciones falsifican los cálculos para los ácidos nucleicos y/o las proteínas de estos métodos. Para minimizar esta falsificación se utilizan factores de corrección, siempre y cuando estos se conocen para los respectivos colorantes. Si el parámetro es activado, el factor de corrección es importado de la función **General Method Parameters/Dyes** .
Correct A 280 1	Selección: on | off	Sólo para el grupo de métodos **Dye labels**. Para la explicación, véase la descripción del parámetro arriba mencionado **Correct A 260 1**.
Dye 2 active	Selección: on | off	Sólo para el grupo de métodos **Dye labels**. Existe la posibilidad de medir paralelamente un segundo colorante. Aplicación: marcación de una biomolécula con dos colorantes.
Dye 2	Selección: Lista de los colorantes que están incluidos en la función **General Method Parameters/ Dyes**.	Sólo para el grupo de métodos **Dye labels** en la medición de 2 colorantes. Selección del segundo colorante (vgl. Parameter **Dye 1**).
Correct A260 2	Selección: on | off	Sólo para el grupo de métodos **Dye labels** en la medición de 2 colorantes. Análogamente al parámetro **Correct A 260 1**.
Correct A 280 2	Selección: on | off	Sólo para el grupo de métodos **Dye labels** en la medición de 2 colorantes. Análogamente al parámetro **Correct A 280 1**.
Show scan	Selección: on | off	En la medición de muestras, indicación de un escaneo (gráfico de longitud de onda de extinción) adicionalmente al resultado.
Start λ	Entrada de valores: Longitud de onda en nm. Rango: 200 a 830 nm.	Longitud de onda inicial para el registro del escaneo.

Parámetros	Entrada	Explicación
Stop λ	Entrada de valores: Longitud de onda en nm. Rango: 200 a 830 nm. El valor tiene que ser mayor que el valor para **Start λ**.	Longitud de onda de detención para el registro del escaneo.
A260/A280	Selección: on | off	Sólo para ácidos nucleicos. En la medición de muestras, indicación de la ratio A260/A280 adicionalmente al resultado.
A260/A230	Selección: on | off	Sólo para ácidos nucleicos. En la medición de muestras, indicación de la ratio A260/A230 adicionalmente al resultado.
FOI	Selección: none | dye/kb | pmole/µg	Sólo para el grupo de métodos **Dye labels**. En la medición de muestras, indicación de FOI adicionalmente al resultado. La FOI (frecuencia de incorporación) es una medida para el número de moléculas de colorante incorporadas en el ácido nucleico por molécula del ácido nucleico. Las unidades son "dye/kb" (moléculas de colorante por 1000 bases) o "pmole/µg" (pmol de colorante por µg de ácido nucleico). "none": ningún cálculo de la FOI.
Background	Selección: on | off	Antes del cálculo del resultado de una muestra se resta la extinción de una longitud de onda de fondo, en la que el analito a medir debe mostrar la extinción cero, de la extinción de la longitud de onda de medición. Aplicación frecuente: corrección de turbiedad parcial en la medición de ácidos nucleicos (longitud de onda de fondo para ello: 320 nm ó 340 nm).
Wavelength	Longitud de onda en nm. Rango: 200 a 830 nm.	Longitud de onda en la que se va a medir el fondo. En forma pura, el analito a medir debería tener aquí el valor de extinción cero.
Background for dyes	Selección: on | off	Sólo para el grupo de métodos **Dye labels**. Aplicación de la corrección de fondo a la medición del colorante (véase el parámetro **Background**).
Wavelength	Longitud de onda en nm. Rango: 200 a 830 nm.	Sólo para el grupo de métodos **Dye labels**. Longitud de onda en la que se debe medir el fondo para el colorante. En forma pura, no contaminada, el colorante a medir debería tener en esta longitud de onda el valor de extinción cero.
Autoprint	Selección: on | off	Impresión de un resultado de medición con la impresora térmica directamente después de la medición. Solamente se imprimen los datos de resultado esenciales. Para la emisión de datos más detallados, puede reunir los paquetes de datos deseados en el paso de método **print & export** al final de la serie de mediciones e imprimirlos.

6.5 Pasos de métodos



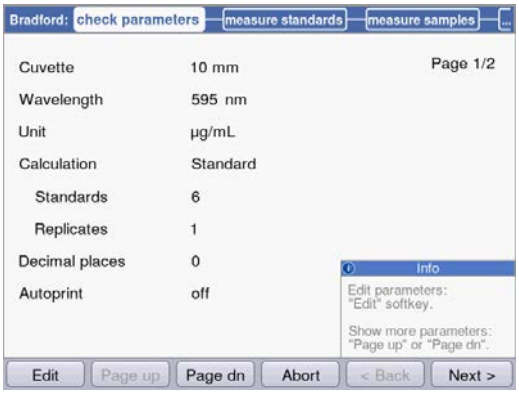
El asistente ("Wizard") en el borde superior de la pantalla le guiará a través de los pasos del método. El paso de método activo está resaltado.

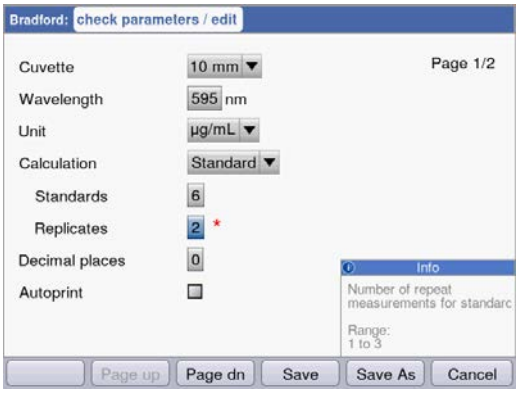
Un método comprende un máximo de 5 pasos. El paso activo es resaltado ópticamente. Después del último paso **print & export** de una serie de mediciones se ofrece como paso adicional el inicio de una nueva serie de mediciones. Esta comienza de nuevo con la medición de las muestras.

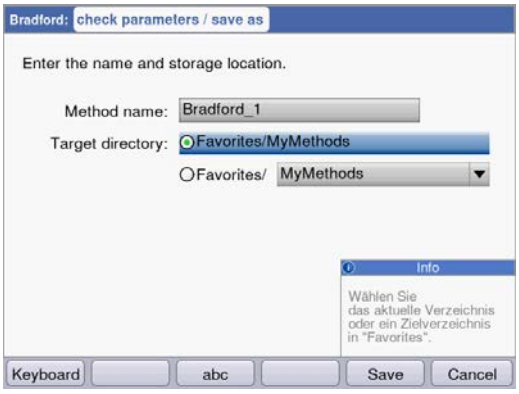
Paso de método	Explicación
check parameters	Comprobar los parámetros del método. Realizar una modificación en caso necesario.
measure standards	Solo en métodos con una evaluación de soluciones patrón: Medir y evaluar soluciones patrón. Alternativamente es posible utilizar la última evaluación de soluciones patrón guardada.
measure samples	Medición de muestras
process results	Solo en algunos métodos: retocar los resultados, p. ej., zoom de ampliación/ reducción de gráficos de escaneos.
print & export	Reunir los paquetes de datos para la impresión o exportación de los datos.

Con las teclas programables [Next >] y [< Back] navega entre los pasos del método. Con [Abort] y [Finish] puede cancelar y/o finalizar la secuencia de medición. El nombre de esta tecla programable cambia de [Abort] a [Finish] después de la primera medición de una muestra.

6.5.1 check parameters







Teclas programables

- [Page dn] y [Page up]: para cambiar de página entre las 1 a 3 páginas de parámetros.
- [Edit]: conmutar al modo de edición de parámetros.

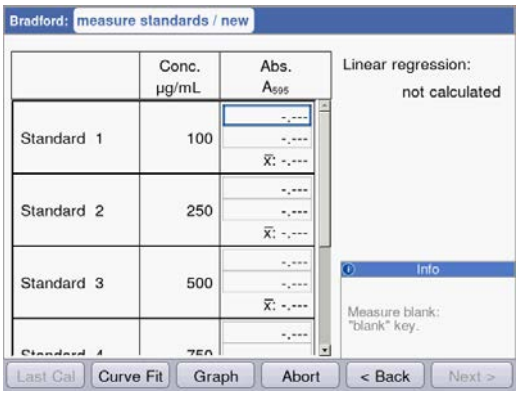
Modo de edición de parámetros:
Los parámetros modificados están marcados con un asterisco rojo, mientras la modificación aún no ha sido guardada.

Teclas programables

- [Save] y [Save as]: guardar modificaciones. Con [Save as] tiene que darle un nombre nuevo al método. Eso siempre es el caso cuando modifica los métodos del grupo ***Routine*** preprogramados por Eppendorf.
- [Cancel]: salir del modo de edición sin guardar los cambios.

Guardar el método bajo un nombre nuevo:
Puede guardar el método o bien en la misma carpeta de donde llamó el método o bien en el grupo de métodos ***Favorites*** en una carpeta libremente seleccionable.
Puede introducir el nombre (máximo 20 caracteres) a través de un teclado superpuesto (tecla programable [Keyboard]) o directamente a través del teclado (ver *Introducción de texto en pág. 25)*.
Después de guardar los datos retornará a la pantalla **check parameters**.

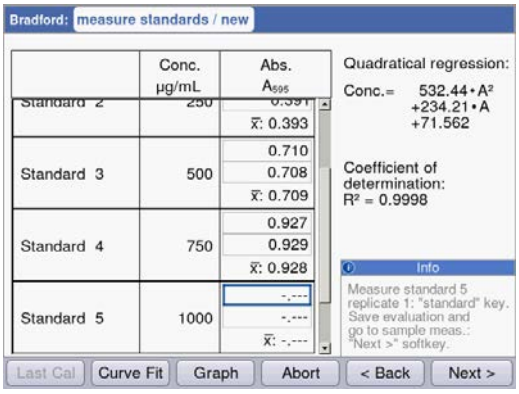
6.5.2 measure standards



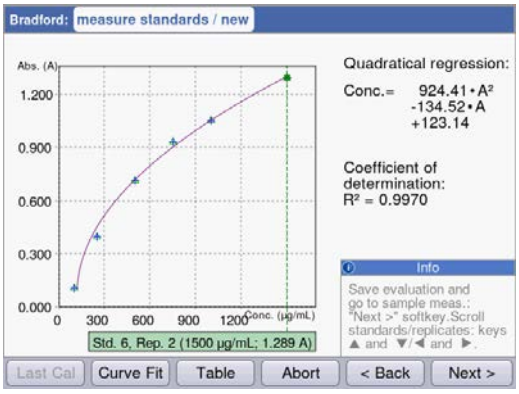
La primera solución patrón a medir está marcada en la pantalla. Después del blanco (tecla **blank**), mida todas las soluciones patrón una tras otra (tecla **standard**).
Si mide más de una réplica por solución patrón, se calculará y mostrará automáticamente la media para cada solución patrón.
Con las teclas de cursor ▲ y ▼ también puede seleccionar unas soluciones patrón determinadas para la medición. Una nueva medición de soluciones patrón individuales también es posible de esta manera.

Teclas programables

- [Last cal]: llamar la última evaluación de solución patrón guardada para este método para utilizarla para mediciones de muestras.
- [Curve fit]: seleccionar el procedimiento para la evaluación de solución patrón. También puede modificar el procedimiento posteriormente, siempre y cuando el resultado no haya sido guardado. En el capítulo "Procedimientos de evaluación" (ver *Evaluación con curva/línea recta de solución patrón en pág. 101)* encontrará indicaciones respecto a la selección del procedimiento de evaluación.
- [Graph]: cambiar a la representación gráfica de los resultados de solución patrón.



En cuanto se disponga del mínimo número de resultados para la evaluación con el procedimiento seleccionado (Curve fit), el resultado de evaluación es visualizado en la parte derecha de la pantalla. Entonces es posible realizar un almacenamiento anticipado de la evaluación y cambiar a la medición de muestras por medio de la tecla [Next >].



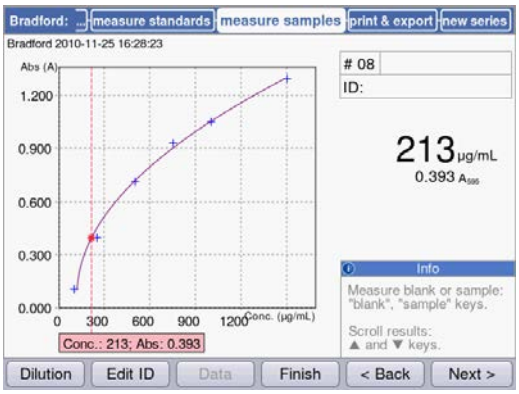
Representación gráfica de la evaluación de solución patrón.
Con las teclas de cursor ◄ y ► puede navegar entre las soluciones patrón para visualizar los resultados. Si hay más de una réplica por solución patrón, puede cambiar entre los resultados de las réplicas con ▲ y ▼. En la representación gráfica también puede seleccionar y medir soluciones patrón individuales o medirlas nuevamente.

Teclas programables

- [Table]: cambiar a la representación en forma de tabla de los resultados de solución patrón.
- [Next >]: guardar la evaluación de solución patrón y cambiar a la medición de muestras.

6.5.3 measure samples

Con la tecla **sample** mide sus muestras una tras otra. Los resultados de blanco permanecen almacenados para una serie de mediciones, pero una medición de blanco nueva es posible en cualquier momento. Con las teclas ▲ y ▼ puede navegar entre los resultados de muestras obtenidos hasta el momento en la serie de mediciones.



Indicación de resultados:

- El resultado de la concentración (6 dígitos con coma flotante) es resaltado claramente.
- Con gráfico: el resultado se encuentra en la parte derecha de la pantalla.
- Sin gráfico: el resultado se encuentra en el centro de la pantalla.
- Además del resultado también se muestra el valor de extinción que sirve de base de forma más pequeña.

Otros datos

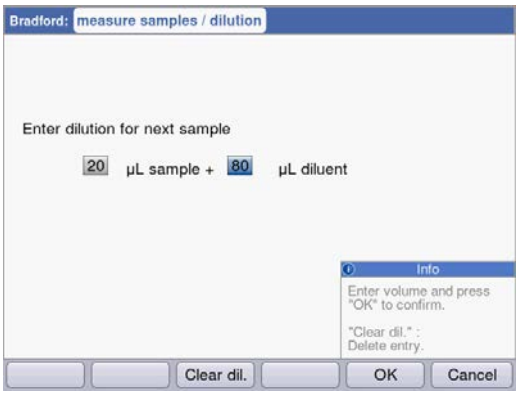
- arriba a la derecha; 1ra línea:
  Número de muestra: es un número consecutivo y es puesto a "1" para cada serie de mediciones nueva.
  Dilución de la muestra (si es que se ha indicado)
- arriba a la derecha; 2da línea:
  Identificación de la muestra (**ID**) (si es que se ha indicado)
- arriba a la izquierda:
  Nombre del archivo bajo el cual los datos son exportados como archivo Excel en el paso de método **print and export** (ver en pág. 59).

Teclas programables

- [Dilution]: introducir la dilución de la muestra.
- [Edit ID]: introducir la identificación de la muestra
- [Data]: indicar datos de resultados adicionales (no en todos los métodos).
- [Finish]: finalizar la serie de mediciones y retornar a la selección de métodos.

Los valores de extinción siempre se corresponden con los valores directamente medidos. El factor de dilución o de cubeta, así como las extinciones de fondo se incluyen después en el cálculo del resultado que se realiza a continuación (ver *Valores de extinción en pág. 99)*.

Introducir la dilución



La tecla programable [Dilution] estará activada después de haberse medido el blanco (tecla **blank)**.

1. Presione la tecla programable [Dilution].
2. Introduzca los volúmenes para la muestra (máximo 3 dígitos) y para el tampón de dilución (máximo 4 dígitos).

Los siguientes resultados de las muestras son multiplicados por el equipo con el factor de dilución calculado.

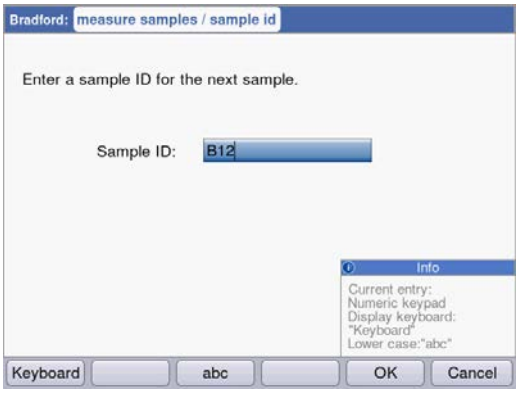
Teclas programables

- [Clear dil.]: borrar los valores para la dilución de muestras.
- [OK]: confirmar la dilución de muestras y retornar a la medición de muestras.
- [Cancel]: cancelar la entrada y retornar a la medición de muestras.

La dilución se utilizará para todos los resultados de muestras siguientes hasta que se modifique haciendo una entrada nueva.

Introducir la identificación de la muestra

La identificación (ID) se aplica para el siguiente resultado de muestra. Al introducir un ID, aparece el último ID que se introdujo para poder introducir rápidamente unos ID consecutivos. No es posible asignar dos veces el mismo ID dentro de una serie de mediciones.



1. Presione la tecla programable [Edit ID].
2. Introduzca el ID de la muestra (máximo 12 dígitos).

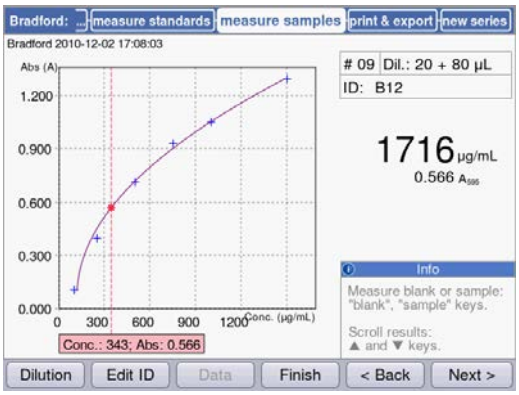
Alternativas para la entrada de texto:

- Bloque de teclas: pulsando la tecla repetidas veces se pasa por las posibilidades de entrada de esta tecla.
- Superponer el teclado con tecla programable [Keyboard]: seleccionar el carácter con las teclas de cursor y confirmarlo con **enter**.

Teclas programables

- [Keyboard]: visualizar el teclado.
- [abc]: cambiar entre letras en mayúscula y minúscula al introducir texto vía teclado.
- [OK]: confirmar la entrada del ID y retornar a la medición de muestras.
- [Cancel]: cancelar la entrada y retornar a la medición de muestras.

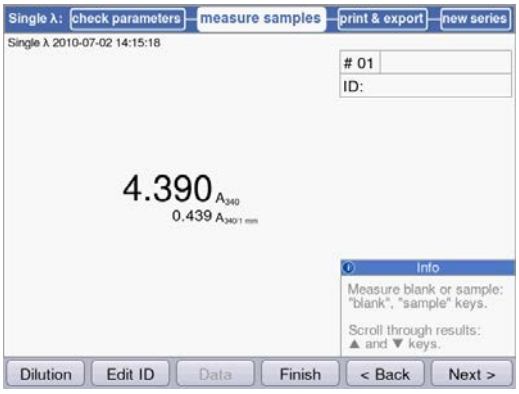
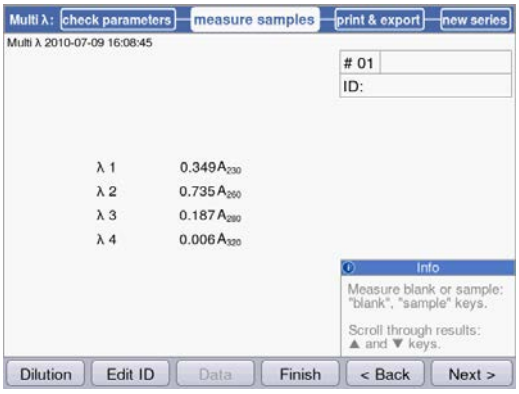
Resultado con dilución e ID

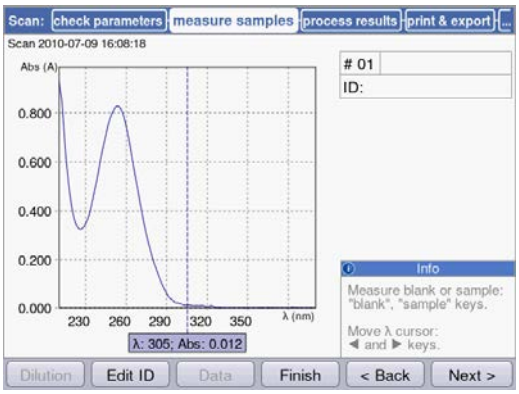
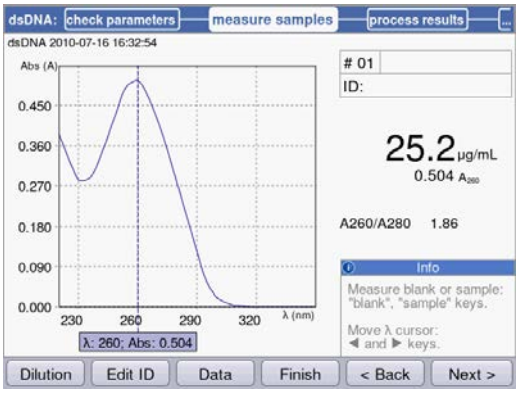


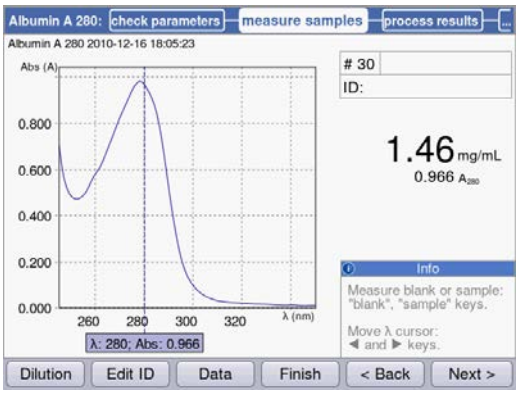
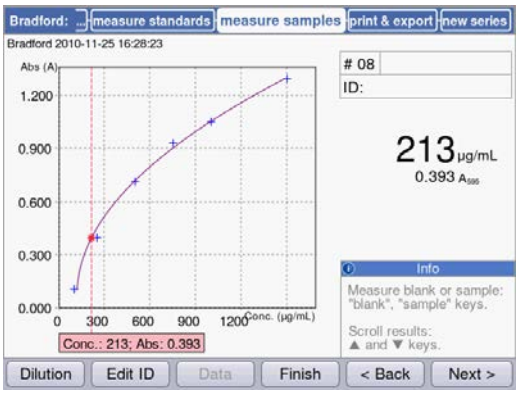
Resultado con dilución e ID de la muestra.

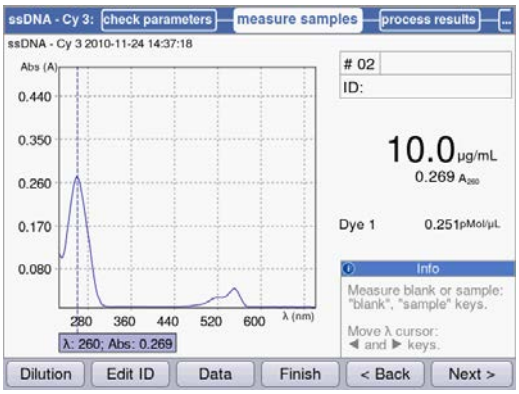
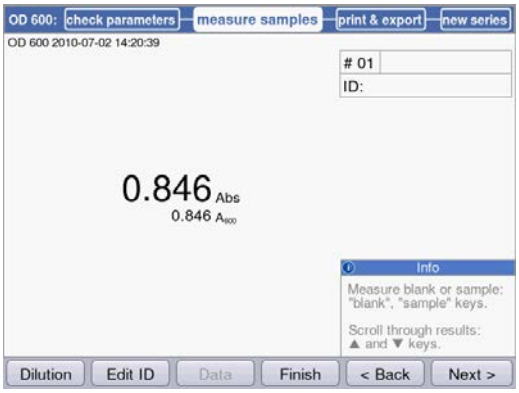
6.5.4 measure samples: indicaciones de resultados

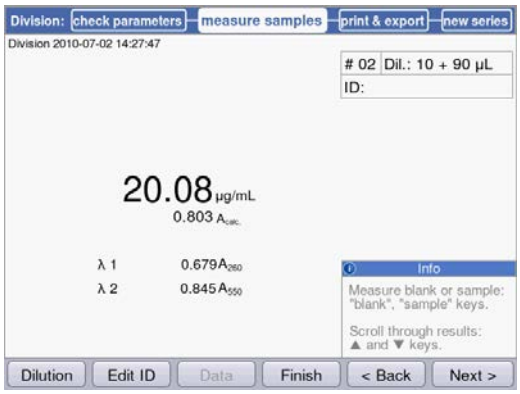
En esta sección obtendrá para todos los grupos de métodos una representación de indicaciones de resultados típicas, así como una visión general de otros datos de resultados que puede acceder a través de la tecla programable [Data].

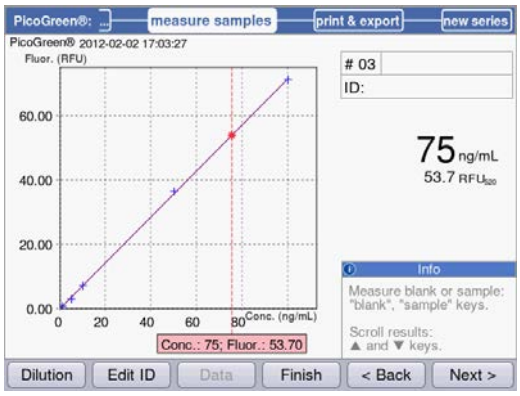
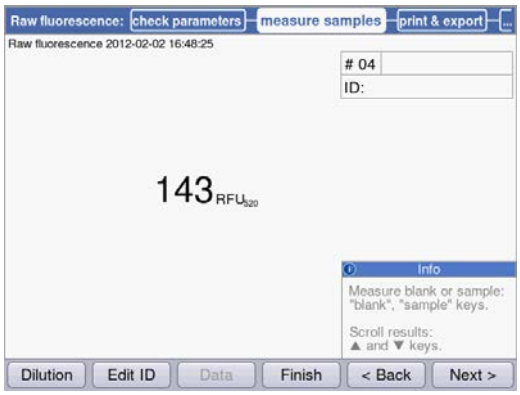
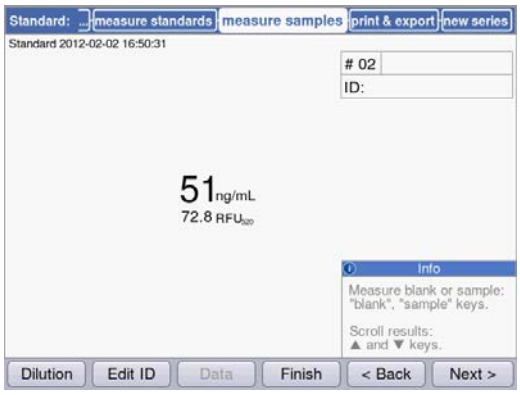
Grupo de métodos Fotometría	Indicación de resultados	Explicación
Grupo principal *Absorbance*		
Single λ		Indicación de resultados: • Extinción en esa longitud de onda de medición • Solo en caso de dilución o uso de una cubeta que no sea de 10 mm: indicación adicional del valor de extinción antes de la conversión.
Multi λ		Indicación de resultados: • Extinciones en las longitudes de onda de medición Datos adicionales (tecla programable [Data]): • Solo en caso de dilución o uso de una cubeta que no sea de 10 mm: valores de extinción antes de la conversión.

Grupo de métodos Fotometría	Indicación de resultados	Explicación
Scan		Indicación de resultados: • Scan (gráfico con indicación de extinción-longitud de onda) • Navegue en el gráfico de un punto de medición a otro con ◀ y ▶.
Grupo principal *Routine*		
Ácidos nucleicos		Indicación de resultados: • Resultado de la concentración con extinción en la longitud de onda de medición • Si está activado en los parámetros: ratio A260/A280 • Si está activado en los parámetros: escaneo. Navegue en el gráfico entre los puntos de medición que se pueden utilizar para el cálculo del resultado con ◀ y ▶. Datos adicionales (tecla programable [Data]). Si se activaron los parámetros correspondientes: • Valor de extinción para 280 nm. • Ratio A260/A230 y valor de extinción para 230 nm. • Valor de extinción para la longitud de onda de fondo.

Grupo de métodos Fotometría	Indicación de resultados	Explicación
Proteins direct UV		Indicación de resultados: • Resultado de la concentración con extinción en la longitud de onda de medición • Si está activado en los parámetros: escaneo. Navegue en el gráfico entre los puntos de medición que se pueden utilizar para el cálculo del resultado con ◀ y ▶. Datos adicionales (tecla programable [Data]). Si se activaron los parámetros correspondientes: • Valor de extinción para 260 nm. • Valor de extinción para la longitud de onda de fondo.
Proteins (with reagent)		Indicación de resultados: • Resultado de la concentración con extinción en la longitud de onda de medición. • En caso de evaluación con serie estándar: gráfico de la evaluación de solución patrón con el resultado de la muestra trazado.

Grupo de métodos Fotometría	Indicación de resultados	Explicación
Dye labels		Indicación de resultados: • Resultados de concentración con extinción en la longitud de onda de medición de la biomolécula. • Si está activado en los parámetros: escaneo. Navegue en el gráfico de un punto de medición a otro con ◀ y ▶. Datos adicionales (tecla programable [Data]). Si se activaron los parámetros correspondientes: • Ratio A260/A280 y ratio A260/A230. • Valores de extinción para 280 nm y 230 nm, así como para la longitud de onda de medición del colorante. • Valor FOI. • Valores de extinción para las longitudes de onda de fondo. En la medición de proteínas marcadas con colorante no se indican las ratios y la FOI.
Bacterial density		Indicación de resultados: • Resultado calculado con extinción en la longitud de onda de medición. • Si está activado en los parámetros: escaneo. Navegue en el gráfico de un punto de medición a otro con ◀ y ▶.

Grupo de métodos Fotometría	Indicación de resultados	Explicación
Grupo principal *Basic*		
Factor, standard	Análogamente a *Protein direct UV* (véase arriba)	Indicación de resultados: • Resultado de la concentración con extinción en la longitud de onda de medición.
Calibration curve	Análogamente a *Proteins (with reagent)* (véase arriba)	Indicación de resultados: • Resultado de la concentración con extinción en la longitud de onda de medición. • Gráfico de la evaluación de solución patrón con el resultado de la muestra trazado.
Grupo principal *Advanced*		
Dual wavelength		Indicación de resultados: • Resultado de la concentración: se calcula a partir de $\mathbf{A_{calc.}}$ con factor o evaluación de solución patrón. • $\mathbf{A_{calc.}}$: se calcula con la fórmula definida en los parámetros a partir de las extinciones medidas en las dos longitudes de onda. • Valores de extinción que se midieron en las dos longitudes de onda de medición. Datos adicionales (tecla programable [Data]). Si se activaron los parámetros correspondientes: • Valor de extinción para la longitud de onda de fondo.

Grupo de métodos Fluorimetría	Indicación de resultados	Explicación
Grupo principal *Routine*		
Ácidos nucleicos		Indicación de resultados: • Resultado de la concentración con valor RFU en la longitud de onda de medición • Gráfico de la evaluación de solución patrón con el resultado de la muestra trazado.
Proteínas	Análogamente a *Nucleic acids* (véase arriba).	Indicación de resultados: • Resultado de la concentración con valor RFU en la longitud de onda de medición • Gráfico de la evaluación de solución patrón con el resultado de la muestra trazado.
Grupo principal *Basic*		
Raw fluorescence		Indicación de resultados: • Valor RFU en la longitud de onda de medición • Solo en caso de dilución: indicación adicional del valor RFU antes de la conversión.
Estándar		Indicación de resultados: • Resultado de la concentración con valor RFU en la longitud de onda de medición

Grupo de métodos Fluorimetría	**Indicación de resultados**	**Explicación**
Calibration curve	Análogamente a *Nucleic acids* (véase arriba).	Indicación de resultados: • Resultado de la concentración con valor RFU en la longitud de onda de medición • Gráfico de la evaluación de solución patrón con el resultado de la muestra trazado.

6.5.5 process results

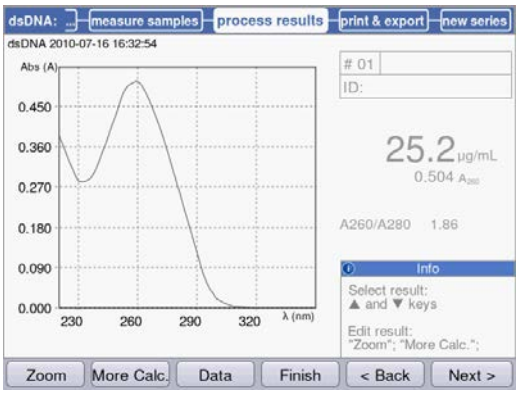
Después de la medición de muestras siguen en el método dos pasos opcionales: **process results** y **print & export**.

En el paso **process results** puede retocar los resultados en algunos de los métodos. Ejemplo: modificación de la sección del espectro de un escaneo.

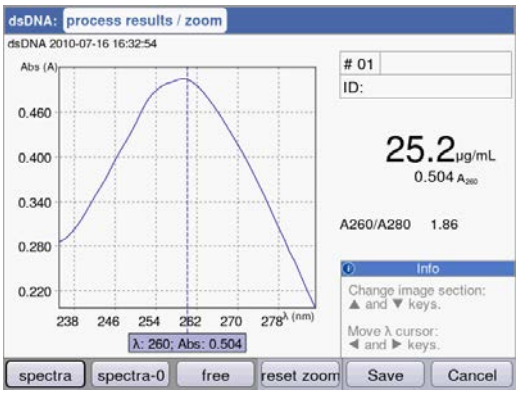
Igual que en la indicación de resultados, puede navegar entre los resultados de las muestras de la serie de mediciones con las teclas de cursor ▲ y ▼ y seleccionar deliberadamente resultados para su retoque.

Tab. 6-4: Opciones: visión general

Opción	**Explicación**	**Disponible en el método**
Zoom	Modificar la limitación de los ejes en el gráfico de extinción-longitud de onda para limitar la representación a secciones ampliadas del gráfico.	Básicamente todos los métodos para los que se ofrece el parámetro **Scan** y ha sido activado. • **Multi λ** • **Scan** • **Ácidos nucleicos** • **Proteins direct UV** • **Dye labels**
More calculations	Convertir los resultados de concentraciones en concentraciones molares, así como en cantidades totales (tras introducción de un volumen).	• **Ácidos nucleicos** • **Dye labels** (con ácidos nucleicos como biomolécula)
Peak detection	Detectar picos (Peak) en espectros de longitudes de onda de extincións.	• **Scan**

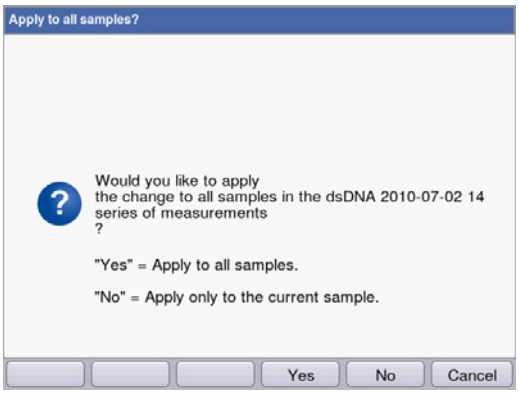


Las opciones para el retoque se ofrecen en las dos teclas programables de la izquierda. En este ejemplo: [Zoom] y [More Calculations].



Después de las modificaciones puede salir del modo actual con las dos teclas programables de la derecha:

- [Save]: guardar la modificación y retornar al paso de método **process results**.
- [Cancel]: cancelar y retornar al paso de método **process results**.

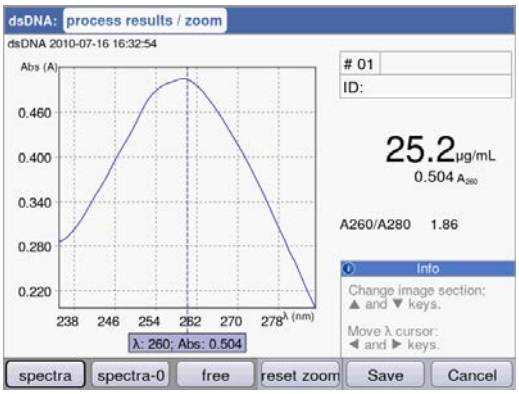

Apply to all samples?
Would you like to apply
the change to all samples in the dsDNA 2010-07-02 14
series of measurements
?
"Yes" = Apply to all samples.
"No" = Apply only to the current sample.
Yes
No
Cancel

Después de guardar las modificaciones, puede transferirlas con [Yes] a todas las muestras de la serie de mediciones.

6.5.6 process results: opciones

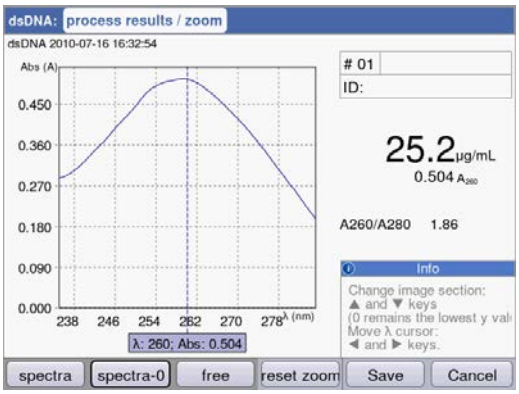
Zoom

Presione la tecla programable [Zoom] y seleccione una de las siguientes variantes.

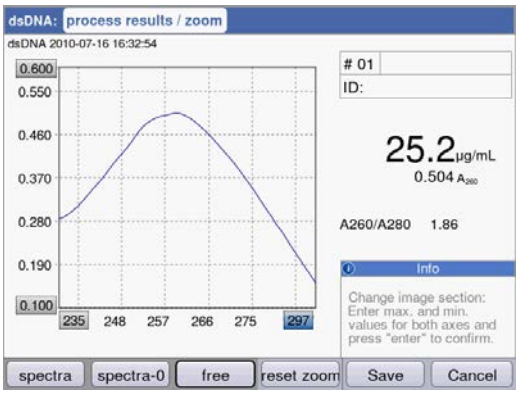


Variante [spectra]:

- Teclas de cursor ◄ y ►: mover el cursor de longitud de onda. Este determina el centro para el zoom en el eje X.
- Teclas de cursor ▲ y ▼: ampliar y reducir gradualmente la sección mostrada del eje X según el procedimiento SpectraZoom.
  La sección mostrada del eje Y es adaptada automáticamente en cada paso de modo que el máximo y el mínimo de los datos representados aprovechan la sección óptimamente.



Variante [spectra-0]:
Se corresponde con la variante [spectra] con una excepción:
El límite inferior de la sección representada del eje Y equivale siempre a "0 A".

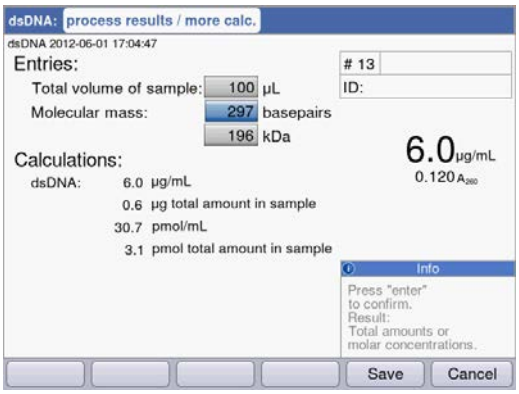


Variante [free]:
Los límites de intervalos se pueden introducir libremente para ambos ejes.
Navegación entre los campos de entrada con las teclas de cursor (▲, ▼, ◄, ►).

En las 3 variantes se retorna a la representación inicial del espectro con la tecla programable [reset zoom].

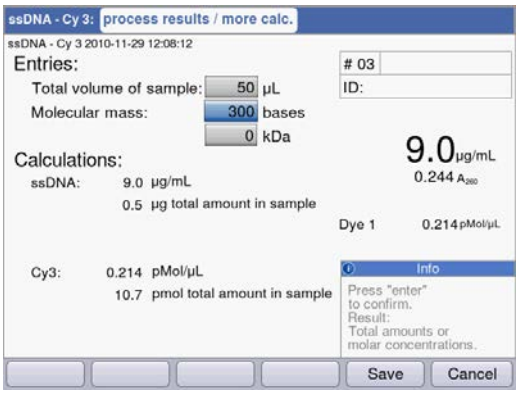
More calculations

Presione la tecla programable [More calc.].



Grupo de métodos **Nucleic acids**:

- Tras entrada de la masa molar (alternativamente en bases/pares de bases o en kDa): convertir el resultado de la concentración en concentración molar.
- Tras entrada del volumen de la muestra: calcular la cantidad total en la muestra.



Grupo de métodos **Dye labels**:
Ácido nucleico:

- Tras entrada de la masa molar (alternativamente en bases/pares de bases o en kDa): convertir el resultado de la concentración en concentración molar.
- Tras entrada del volumen de la muestra: calcular la cantidad total en la muestra.

Colorante:

- Tras entrada del volumen de la muestra: calcular la cantidad total en la muestra.

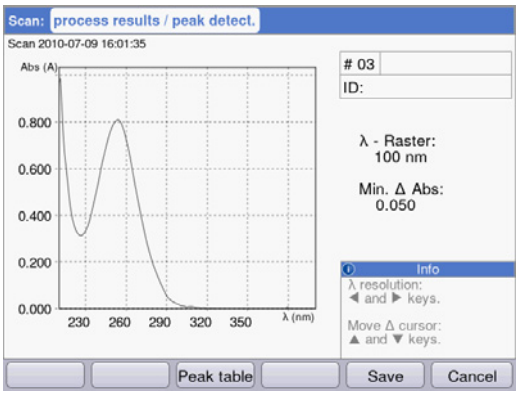
- Para **dsDNA** se supone que se trata de un ácido nucleico bicatenario al calcular la concentración molar. Para los métodos **ssDNA**, **RNA** y **Oligo** se supone que se trata de un ácido nucleico monocatenario.
- Para métodos que fueron programados en el grupo principal ***Routine***, grupo de métodos **Nucleic acids**, mediante **<New Method>**, siempre se parte de ácidos nucleicos bicatenarios para el cálculo de la concentración molar.

Peak detection

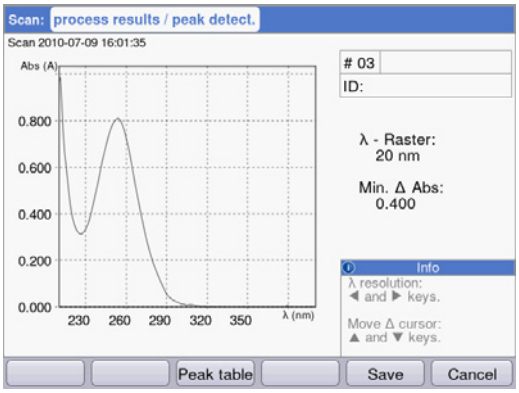
Presione la tecla programable [Peaks]. Para la detección de picos (Peak) puede variar dos criterios:

- **λ-Raster**: trama de evaluación en la escala de longitudes de onda para la detección de picos (p. ej., 10 nm).
  Ejemplo 10 nm: se evalúa la sección del espectro de -5 nm a +5 nm en relación al pico a detectar.
- **Mind. Δ Abs**: mínima diferencia entre el pico a detectar y la extinción más baja en la trama de evaluación. Al mismo tiempo ningún valor de extinción en la trama debe ser superior al valor del pico (p. ej.: 0,5).

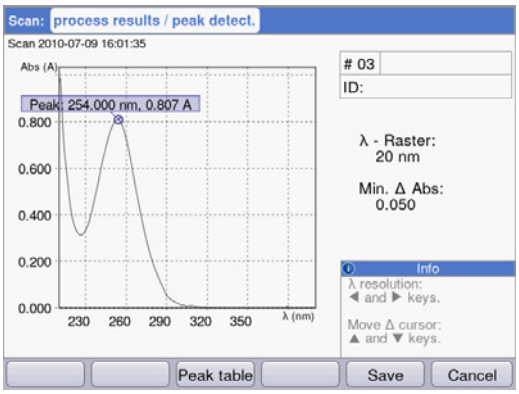
Ejemplos:



λ-Raster: 100 nm, Mind. Δ Abs: 0,050:
El pico no es detectado, porque la trama λ es demasiado grande: las extinciones en el borde izquierdo de la trama son más grandes que la extinción del pico.



λ-Raster: 20 nm, Mind. Δ Abs: 0,200:
El pico no es detectado, porque el valor predeterminado para **Mind. Δ Abs** es demasiado grande. La diferencia de la extinción del pico y la extinción más baja en la trama es inferior a 0,2 A.

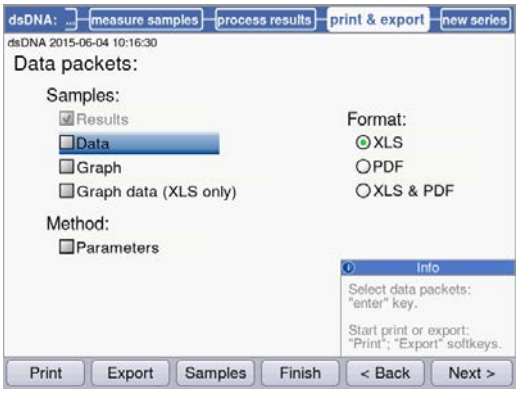


λ-Raster: 20 nm, Mind. Δ Abs: 0,050:
El pico es detectado.

6.5.7 print & export

En el último paso de método opcional puede reunir paquetes de datos para todas las muestras o para muestras seleccionadas de una serie de medidas para:

- Imprimirlos en la impresora
- Exportarlos a una memoria USB
- Exportarlos directamente a un ordenador vía cable USB
- Exportarlos por e-mail



Seleccionar los paquetes de datos

- Navegue con las teclas de cursor y confirme con **enter**.

Seleccionar formato

- XLS: exportar o imprimir como tabla de Excel.
- PDF: exportar o imprimir como PDF.

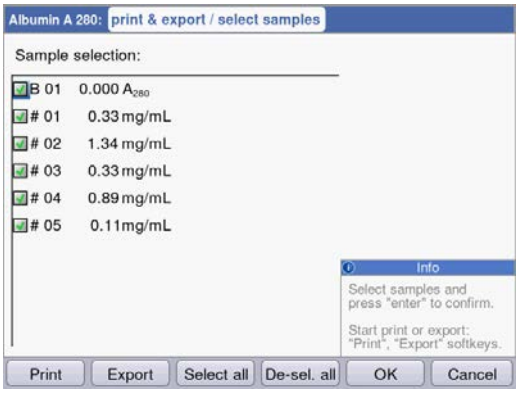
Teclas programables

- [Print]: iniciar una impresión.
- [Export]: iniciar una exportación.
- [Sample]: seleccionar resultados de muestras individuales.

Seleccionar los paquetes de datos	
Results	Datos de resultado primarios; no seleccionables, porque siempre son transferidos.
Data	Datos de resultado adicionales que se muestran durante la medición en los indicadores de resultados al pulsar la tecla programable [Data].
Graph	Espectro de longitud de onda de extinción.
Graph data	Los datos numéricos básicos para el gráfico. "export only": solo para la exportación, no disponible para la impresión.
Parameters	Parámetros de los métodos
Standards/Results	Datos de resultados de la evaluación de solución patrón.
Standards/Graph	(Solo en evaluaciones de solución patrón con varias soluciones patrón: gráfico de extinción-concentración.

En función del método y del ajuste de los parámetros solamente se proporcionan los paquetes de datos disponibles respectivamente.

Selección de resultados de muestra individuales



Seleccionar muestras

- Presione la tecla programable [Samples] para llamar la selección de muestras.
- Navegue con las teclas de cursor y confirme con **enter**.

Teclas programables

- [Select all]: seleccionar todas las muestras
- [De-Sel. all]: deseleccionar todas las muestras.

Inicio de exportación

Los datos se transmiten como archivo Excel (.xls) o PDF. Los archivos Excel se pueden leer con versiones de Excel a partir de 97. Para cada uno de los paquetes de datos seleccionados se creará una hoja de cálculo en el programa Excel. El nombre del archivo está compuesto por el nombre del método, la hora y la fecha de la serie de mediciones.

File export: dsDNA_2015_06_04_10_16_30.xls
Select an export method:
Export to external storage medium
Export to PC
Send to an e-mail address
email@example.com
Info
External storage medium: Connect an USB mass storage device.
Export PC: The device works as an USB mass storage device.
Export
Cancel

Seleccionar la variante de exportación

- Navegue con las teclas de cursor y confirme con **enter**.
- Exportar a un soporte de almacenamiento externo: guardar los datos en una memoria USB. Si no hay conectada una memoria USB, esta variante no es seleccionable.
- Exportar al ordenador: guardar datos en un ordenador.
- Exportar vía e-mail: enviar los datos a una dirección de e-mail.

Exportación a una memoria USB

1. Inserte una memoria USB, formateada con FAT32, en el puerto USB **4** (ver *Ilustración general en pág. 15)*.
2. Inicie con [Export] la "Exportación a un soporte de memoria externo".

Exportación a un ordenador

Requisitos del ordenador (PC): sistema operativo Windows XP, SP2, o una versión superior.

1. Conecte el equipo al ordenador vía cable USB utilizando el puerto USB **8**(ver *Ilustración general en pág. 15)*.
2. Cerciórese de que en caso de repetir una exportación los datos exportados anteriormente hayan sido almacenados en el disco duro del ordenador, ya que si no serían sobreescritos por la nueva exportación de datos.
3. Inicie con [Export] la "Exportación al ordenador".
4. El paquete de datos exportado es mostrado en su ordenador como soporte de datos intercambiable con el nombre "eppendorf". Abra el archivo en esta unidad y guárdelo en el disco duro.

Exportación a una dirección de e-mail

1. Seleccione una dirección de e-mail de la lista o seleccione "Edit" para crear una nueva dirección de e-mail.
2. Inicie con [Export] el "Envío a una dirección de e-mail".

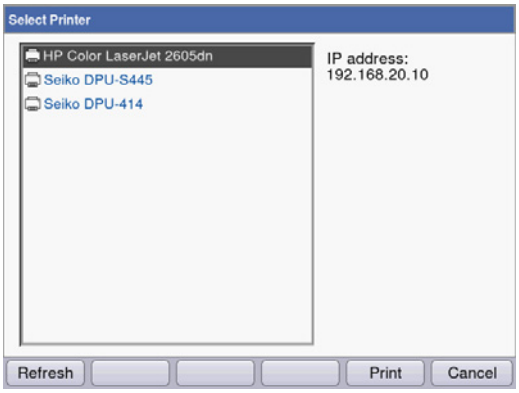
Edición de direcciones de e-mail

- Seleccione "Edit" de la lista desplegable y confirme con **enter**.
  Se abre una ventana en la que pueden editarse las direcciones de e-mail.
- [Edit]: editar dirección de e-mail.
- [New]: crear nueva dirección de e-mail.
- [Delete]: borrar dirección de e-mail.

Inicio de impresión

Los datos pueden imprimirse a través de una impresora en la red o una impresora USB conectada.

Cuando el equipo esté conectado a una red, se detectan y muestran automáticamente todas las impresoras compatibles en la red. Si no hay ninguna conexión con la red, solo se puede seleccionar una impresora USB conectada.

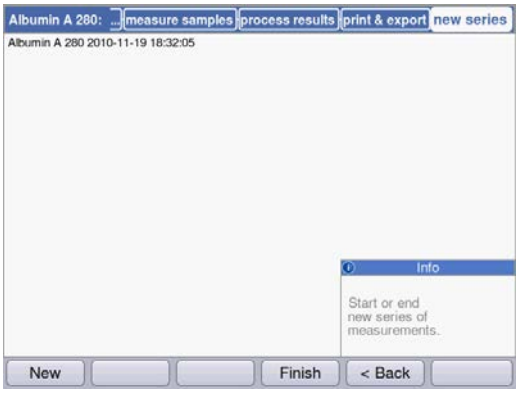


1. Seleccione una impresora.
2. Inicie con la impresión de los datos con [Print].

6.5.8 Finalizar la serie de mediciones

Después del último paso de método **print & export** puede iniciar una nueva serie de mediciones con el método seleccionado o seleccionar un nuevo método.

Finalizar la serie de mediciones e iniciar una nueva serie de mediciones



- Tecla programable [Next >]: llamar el paso de método **new series**
- Tecla programable [New]: llamar el paso de método **measure samples** e iniciar una nueva serie de mediciones.

Finalizar la serie de mediciones y seleccionar un nuevo método

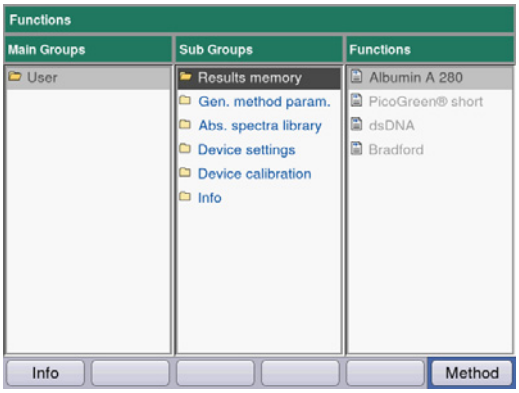
- Tecla programable [Finish]: finalizar la serie de mediciones y llamar la selección de métodos.

7 Funciones

7.1 Funciones del grupo principal *User*

Con la tecla **function** o la tecla programable [Function] se accede a un menú con funciones como ajustes del equipo o consulta de resultados almacenados.

Las funciones se encuentran dentro de 3 columnas, igual que en la selección de métodos. Las funciones en el grupo principal ***User*** son accesibles para usted. Igual que en la selección de métodos, se navega con las teclas de cursor para seleccionar primero el subgrupo deseado y luego la función deseada. Con **enter** activa la función.



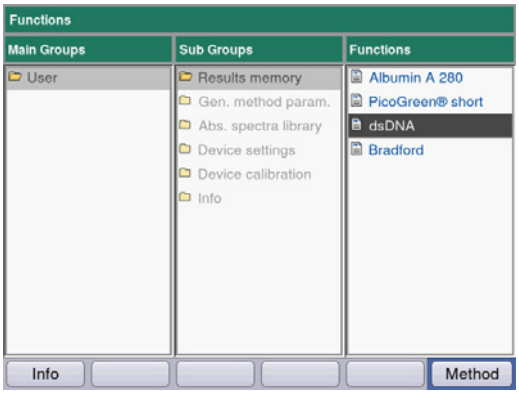
Tecla programable [Info]: llamar la versión de firmware y el número de serie del BioSpectrometer fluorescence.

Tab. 7-1: Visión general de las funciones

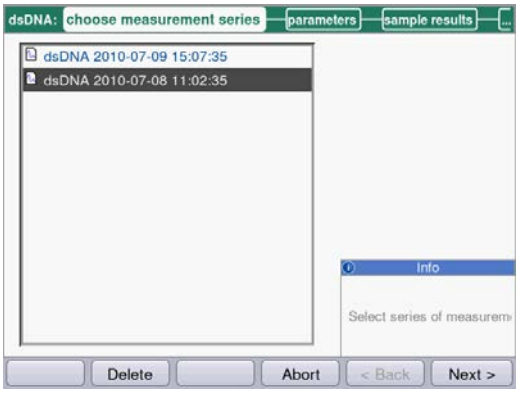
Subgrupo	Explicación
Results memory	Mostrar valores almacenados. Los resultados se pueden consultar estando estructurados según métodos y según series de medición y se pueden imprimir y exportar desde la memoria.
General method parameters	Los parámetros que se pueden utilizar para diversos métodos, están almacenados de manera central en el área **Functions**. Estos parámetros se pueden editar (modificar o crear) aquí. En el paso de método **Check parameters** se pueden seleccionar fácilmente los parámetros que abarcan varios sectores a través de casillas de selección. • **Proteins**, **Nucleic acids**, **Dyes** contienen parámetros que se utilizan para métodos de los grupos **Dye labels** y **Proteins direct UV**. • **Units**: unidades para resultados de concentración que pueden ser utilizadas por muchos métodos.
Absorbance spectra library	Espectros de longitudes de onda de extinción de sustancias importantes, p. ej., ADN. Los espectros sirven de información y se pueden utilizar para la comparación con el espectro de un resultado de muestra.
Device settings	Ajustes de equipo editables, p. ej., idioma.

Subgrupo	Explicación
Device calibration	• Posibilidad de comprobar el espectrofotómetro. Para ello se requiere un juego de filtros de Eppendorf. • Posibilidad de comprobar la unidad de fluorescencia.
Info	Licencias de software de fuentes abiertas e información sobre marcas registradas.

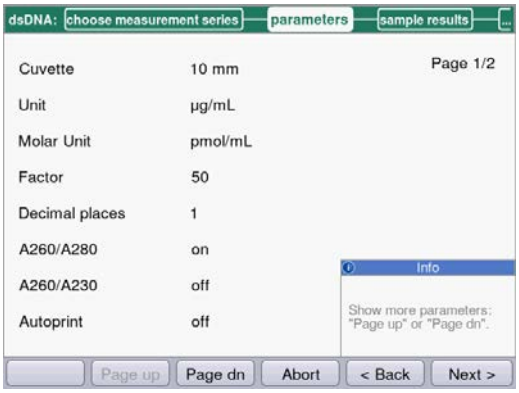
7.1.1 Results Memory



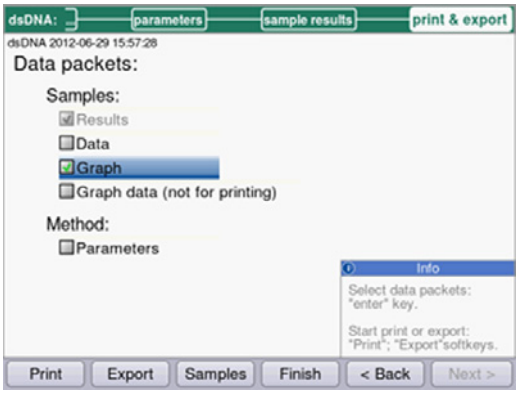
- Seleccione en la columna derecha el método, cuyos resultados guardados desea consultar.
- Confírmelo con enter.



- Seleccione la serie de mediciones deseada con ayuda de las teclas de cursor.
- Confírmelo con enter.



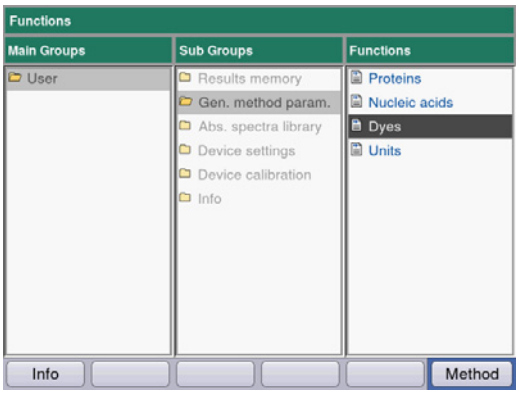
Igual como en los pasos de un método, usted aquí también puede navegar por orden a través de los indicadores de los parámetros, de las soluciones patrón, de los resultados de muestras y, finalmente, a través de los paquetes de datos para la impresión y exportación.
La asignación de las teclas programables se corresponde con la asignación en los pasos del método.



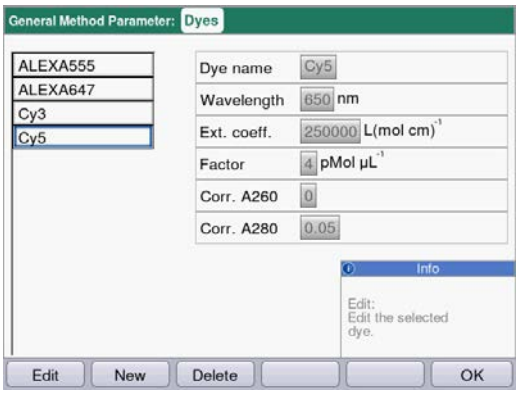
- Si desea imprimir o exportar resultados, seleccione los paquetes de datos.

El proceso para impresión y exportación, así como el significado de las teclas programables se corresponden con el paso de método **print & export**.

7.1.2 General Method Parameters



- Seleccione en la columna derecha el grupo de parámetros, en el cual desea editar parámetros.
- Confírmelo con enter.

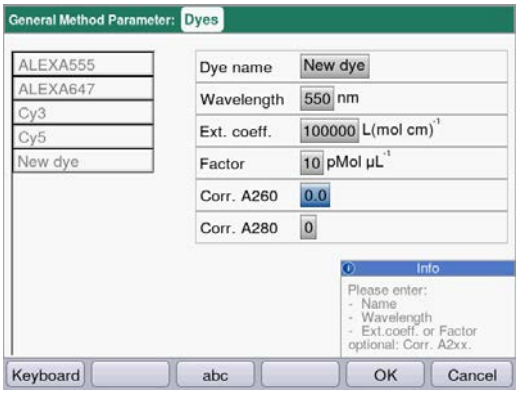


En este ejemplo se han juntado grupos de parámetros para diversas tinciones (componentes de colorantes para los métodos de tinción) y se han guardado bajo un nombre cada uno. Bajo este nombre se puede importar el grupo de parámetros deseado al programa de método al editar un método de tinción.
Indicador:

- izquierda: nombre del colorante. Seleccione con ▲ y ▼.
- derecha: parámetros correspondientes

Teclas programables

- [Edit]: editar el grupo de parámetros seleccionado.
- [New]: crear un grupo de parámetros nuevo.
- [Delete]: borrar el grupo de parámetros seleccionado.
- [OK]: retornar a la selección de funciones.

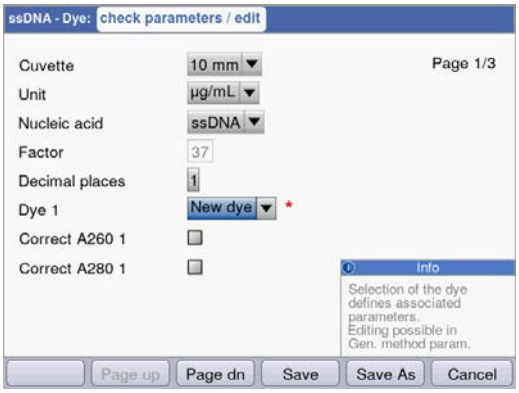


- Para editar un grupo de parámetros, seleccione con ▲ y ▼ el parámetro a editar.
- Confírmelo con enter.

Teclas programables

- [OK]: guardar la entrada y retornar a la selección del grupo de parámetros.
- [Cancel]: retornar a la selección del grupo de parámetros sin ninguna modificación.

Al programar un método de los grupos de métodos **Dye labels** o **Proteins direct UV** puede acceder a las entradas hechas en **General Method Parameter**:



Seleccione el nombre del colorante para importar el grupo de parámetros correspondiente al programa de métodos. A través de la selección "edit" en el parámetro "Nucleic acid" también puede acceder directamente a la función **General Method Parameter** y visualizar o editar allí los parámetros.

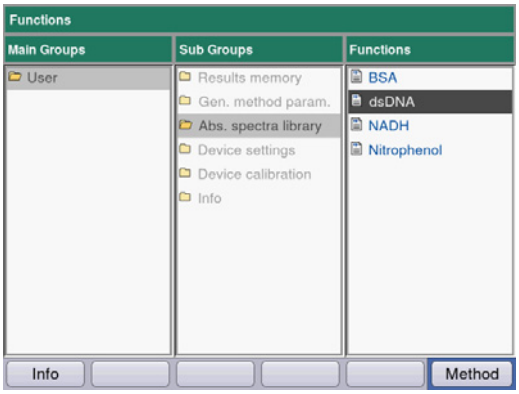
Tab. 7-2: Parámetros en General Method Parameter

Parámetros	**Explicación**
Proteínas	Estos parámetros son cargados en los parámetros de método al seleccionar una proteína durante la programación de un método del grupo **Dye labels** o **Proteins direct UV**.
• Protein name • Factor • $A_{0.1\%}$ • Ext.coeff. • Molecular mass	Aparte del nombre y de la longitud de onda, también puede introducir los siguientes datos para definir el factor para el cálculo de la concentración a partir de la extinción: Factor **o** $A_{0.1\%}$ **o** coeficiente de extinción y masa molar.

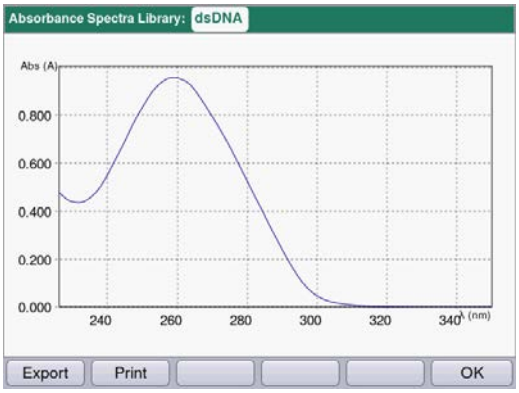
Parámetros	Explicación
Ácidos nucleicos	Estos parámetros se cargan en los parámetros del método al seleccionar un ácido nucleico durante la programación de un método del grupo **Dye labels**.
• NA name • Factor • Double-stranded	El factor se utiliza para calcular la concentración a partir de la extinción. El parámetro Double-stranded tiene influencia sobre el cálculo de la concentración molar del ácido nucleico (ver *Conversión en concentraciones molares y cantidades de ácidos nucleicos en pág. 104)*
Dyes	Estos parámetros se cargan en los parámetros del método al seleccionar un colorante (Dyes) durante la programación de un método del grupo **Dye labels**.
• Dye name • Wavelength • Ext.coeff. • Factor • Corr. A260 • Corr. A280	Aparte del nombre, también puede introducir los siguientes datos para definir el factor para el cálculo de la concentración a partir de la extinción: Factor **o** coeficiente de extinción. Los factores de corrección para las extinciones a 260 y/o 280 nm se utilizan cuando la función de corrección está activada en los parámetros del método. Encontrará más información en el capítulo sobre la evaluación (ver *Corrección A_{260} y corrección A_{280} en pág. 103)*.
Units	Puede seleccionar una unidad de todas las unidades disponibles durante la programación de parámetros de método.
• Unit	Introducir una unidad aún no programada para el resultado de concentración.

- Los datos característicos para proteínas, que no han sido preprogramados en fábrica, se pueden determinar en la base de datos expasy: http://www.expasy.org/tools/protparam.html.
- También encontrará una tabla con valores $A_{1\%}$ para muchas proteínas en: C.N.Pace et al., Protein Science (1995), 4: 2411–2423 (tabla 5). Los valores $A_{1\%}$ se tienen que multiplicar por 0,1 para obtener los valores $A_{0,1\%}$ necesarios.

7.1.3 Absorbance Spectra Library



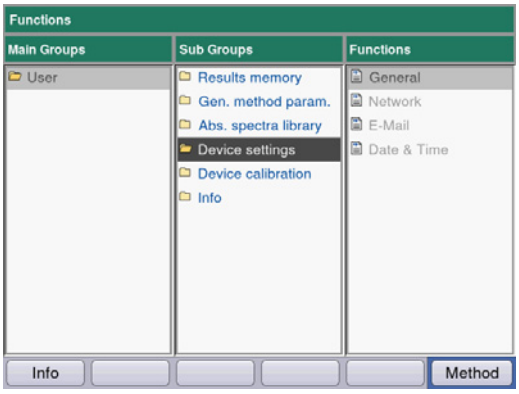
En la columna derecha selecciona el espectro que desea llamar y lo confirma con **enter**.



Teclas programables

- [Export] y [Print]: exportar a una memoria USB o a un ordenador vía cable USB y/o imprimir (ver *print & export en pág. 59)*.
- [OK]: retornar a la selección de funciones.

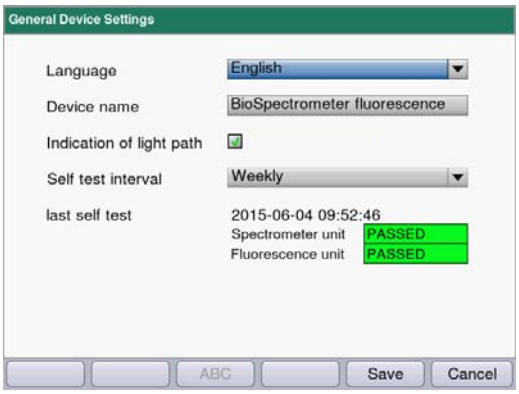
7.1.4 Device Settings



Los siguientes ajustes pueden adaptarse:

Device Settings

- General
- Network
- E-Mail
- Date and Time

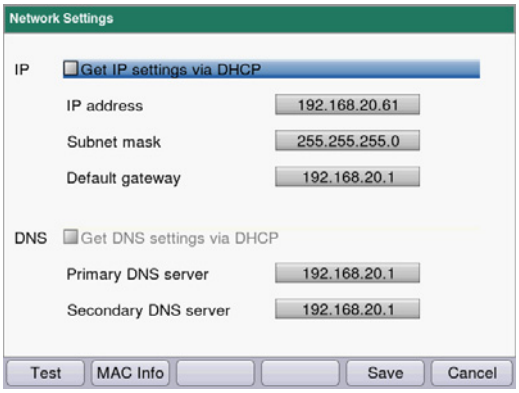


General Device Settings

- Selección de idioma: alemán, inglés, francés, español, italiano.
- Nombre de equipo
- Frecuencia de la autocomprobación automática del equipo después del encendido.
- Aviso de indicación del paso óptico.
- Se muestra la información sobre la última autocomprobación.

Teclas programables

- [Save]: guardar las modificaciones y retornar a la selección de funciones.
- [Cancel]: retornar a la selección del grupo de parámetros sin ninguna modificación.



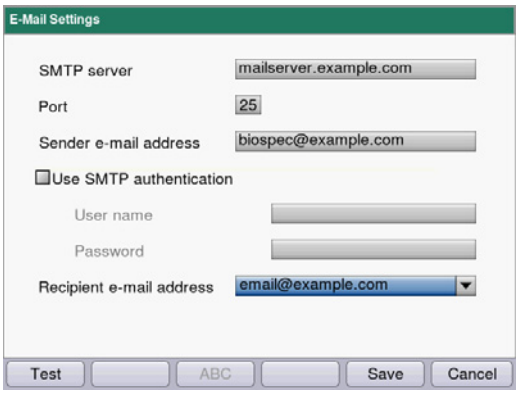
Network Settings

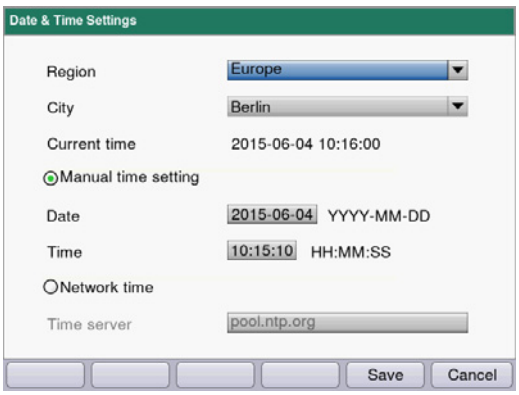
Pregunte a su administrador de red sobre qué ajustes son necesarios.

- Selección de realización automática de los ajustes de IP por DHCP. Los ajustes de IP pueden también introducirse manualmente.
  - Dirección IP
  - Máscara de subred
  - Gateway estándar
- Selección de realización automática de los ajustes de DNS por DHCP (solo disponible cuando los ajustes de IP se realizan automáticamente por DHCP).
  Los siguientes ajustes de DNS pueden introducirse manualmente:
  - Servidor DNS primario
  - Servidor DNS secundario

Teclas programables

- [MAC Info]: información sobre ajustes de red.
- [Save]: guardar las modificaciones y retornar a la selección de funciones.
- [Cancel]: retornar a la selección del grupo de parámetros sin ninguna modificación.





Email Settings

Pregunte a su administrador de red sobre qué ajustes son necesarios.

- Servidor SMTP: introducir servidor de e-mail.
- Introducir puerto.
- Emisor: introducir nombre de equipo.
- Utilizar autentificación SMTP: si fuera necesaria una autentificación, debe introducirse un nombre de usuario y una contraseña.
- Dirección de e-mail del receptor: lista con direcciones de e-mail.

Edición de direcciones de e-mail

- Seleccione "Edit" de la lista desplegable y confirme con **enter**.
  Se abre una ventana en la que pueden editarse las direcciones de e-mail.

Teclas programables

- [Edit]: editar dirección de e-mail.
- [New]: crear nueva dirección de e-mail.
- [Delete]: borrar dirección de e-mail.

Date and Time Settings

- Seleccionar región.
- Seleccionar ciudad.
- Indicación de la hora actual
- Ajuste manual de la hora: introducir fecha y hora.
- Hora de la red
  Servidor horario: introducir servidor horario deseado.

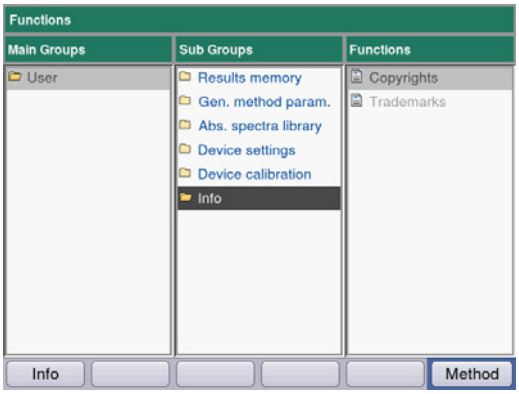
Teclas programables

- [Save]: guardar las modificaciones y retornar a la selección de funciones.
- [Cancel]: retornar a la selección del grupo de parámetros sin ninguna modificación.

7.1.5 Device Calibration

La comprobación del equipo está descrita por separado (ver *Comprobación del equipo en pág. 75)*.

7.1.6 Info



Bajo el punto de menú **Copyright** encontrará información sobre licencias para software de fuentes abiertas e información sobre marcas registradas.

8 Mantenimiento

8.1 Limpieza

¡PELIGRO! Descarga eléctrica debido a la penetración de líquidos.

- Apague el dispositivo y desenchúfelo de la alimentación eléctrica antes de empezar los trabajos de limpieza o de desinfección.
- No deje entrar ningún líquido al interior de la carcasa.
- No efectúe ninguna limpieza o desinfección por pulverización en la carcasa.
- Sólo vuelva a conectar el dispositivo a la red eléctrica si está completamente seco por dentro y por fuera.

¡AVISO! Corrosión producida por productos de limpieza y desinfección agresivos.

- No utilice productos de limpieza corrosivos ni disolventes agresivos o abrillantadores.
- No incube los accesorios durante un tiempo prolongado en productos de limpieza o desinfectantes agresivos.

1. Limpie las superficies con un paño humedecido en un detergente suave.

Limpieza del compartimento de la cubeta

2. Limpie el compartimento de la cubeta únicamente con un bastoncillo de algodón libre de hilachas humedecido en etanol o isopropanol. Evite que entre líquido en el compartimento de la cubeta. Si fue necesario humedecerlo con agua para eliminar la suciedad, debe utilizar un nuevo bastoncillo de algodón humedecido en etanol o isopropanol para acelerar el secado del compartimento de la cubeta.

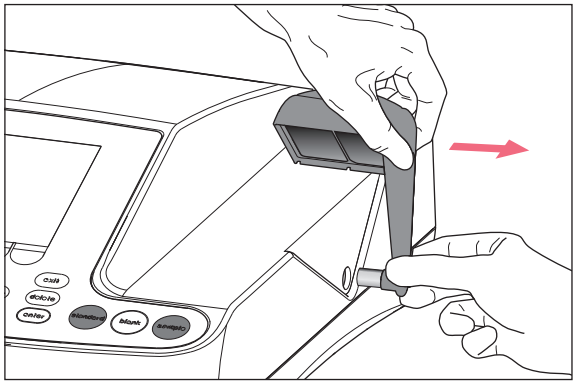
   En el lado interior izquierdo del compartimento de la cubeta se encuentra un vidrio que está montado directamente en el recorrido óptico. Limpie el vidrio cuidadosamente.

8.1.1 Limpieza de la cubierta del compartimento de la cubeta

Si no solamente quiere limpiar la superficie de la cubierta del compartimento de la cubeta, la cual se puede acceder con facilidad, también puede desmontar la cubierta.

- No enjuague la cubierta del compartimento de la cubeta en un producto de limpieza.
- Limpie la cubierta del compartimento de la cubeta de la manera descrita.

1. Levante la cubierta del compartimento de la cubeta con una mano.
2. Sujete la cubierta con la otra mano a la altura del pasador y jale la cubierta hacia la derecha hasta que el pasador haya salido por completo.



- Jale la cubierta hacia la derecha en un ángulo de 90 grados.

3. Limpie la cubierta con un paño o un bastoncillo de algodón libre de hilachas previamente humedecido en un producto de limpieza suave.
4. Vuelva a introducir el pasador en la carcasa hasta el tope.

   El pasador desaparece por completo en la carcasa.

Si no va a utilizar el fotómetro, cierre el compartimento de la cubeta con la cubierta azul para protegerlo contra polvo y otras contaminaciones.

8.2 Desinfección/Descontaminación

¡PELIGRO! Descarga eléctrica debido a la penetración de líquidos.

- Apague el dispositivo y desenchúfelo de la alimentación eléctrica antes de empezar los trabajos de limpieza o de desinfección.
- No deje entrar ningún líquido al interior de la carcasa.
- No efectúe ninguna limpieza o desinfección por pulverización en la carcasa.
- Sólo vuelva a conectar el dispositivo a la red eléctrica si está completamente seco por dentro y por fuera.

1. Limpie el aparato con un detergente suave antes de la desinfección (ver *Limpieza en pág. 73)*.
2. Seleccione un método de desinfección que cumpla con las determinaciones legales y directrices vigentes para su área de aplicación.
3. Utilice, p. ej., alcohol (etanol, isopropanol) o desinfectantes que contengan alcohol.
4. Limpie las superficies con un paño que haya humedecido previamente con un desinfectante suave.
5. Si es necesario desmontar la tapa del compartimento de la cubeta para realizar la desinfección, debe proceder de la manera descrita para desmontar y montarla (ver *Limpieza de la cubierta del compartimento de la cubeta en pág. 74)*.
6. Puede desinfectar la tapa desmontada del compartimento mediante desinfección por pulverización.

8.3 Comprobación del equipo

Condiciones:

- Atenerse a las condiciones ambientales (ver *Condiciones del entorno en pág. 95)*.
- Realizar la comprobación a aprox. 20 °C. Evitar fluctuaciones de temperatura (p. ej., debido a ventanas abiertas).
- Solo extraer el filtro brevemente de su caja y protegerlo contra contaminación o deterioro.
- Proteger el filtro contra polvo, calor, líquido y vapores agresivos.
- El filtro está colocado de modo que la etiqueta adhesiva con el nombre del filtro esté frente al detector:
  - Comprobación de la unidad espectrométrica: la etiqueta adhesiva queda hacia delante.
  - Comprobación de la unidad de fluorescencia: la etiqueta adhesiva queda hacia la derecha.
- El compartimento de la cubeta está libre de suciedad.

8.3.1 Comprobación de la unidad espectrométrica

Para comprobar la exactitud fotométrica y la veracidad de las longitudes de onda, Eppendorf ofrece un juego de filtros (juego de filtros de referencia BioSpectrometer). El juego contiene un filtro de blanco A0 y tres filtros A1, A2 y A3 para comprobar la exactitud fotométrica, así como 3 filtros para comprobar la veracidad de las longitudes de onda en el rango de 260 nm a 800 nm. Las extinciones de los filtros se miden comparándolos con el filtro de blanco A0. Además de la información sobre la exactitud, también recibirá información sobre la precisión: a partir de las 15 mediciones por cada longitud de onda, no solamente se calcula el valor medio, sino también el coeficiente de variación (cv).

Para la medición, inserte primero el filtro de blanco (para la medición del blanco) y luego inserte los filtros de prueba y las cubetas en el compartimento de la cubeta. Los valores de extinción medidos para los filtros de prueba son comparados con el margen de valores permisible. Los valores límite para el margen de valores permisible de cada filtro están impresos en una tabla en la tapa de la caja de filtros.

Si desea documentar los valores, conecte la impresora térmica de Eppendorf.

BioSpectrometer fluorescence reference filter set

eppendorf

Function : Device calibration/Spectrometer unit

Order No./Best. Nr.: 6137 928.009
Set No./Satz Nr.: 800

Limits measured against Blank A 0 at approx. 20°C
Grenzwerte gemessen gegen Blank A 0 bei ca. 20°C

SN: 6135	914.800	916.800	917.800	937.800	921.800	922.800	923.800
Filter Type	**Blank A 0**	**Sample 260 nm**	**Sample 280 nm**	**Sample 800 nm**	**Sample A 1**	**Sample A 2**	**Sample A 3**
Limiting values (A)/Grenzwerte (E)							
260 nm	0.000	1.147-1.346	--	--	0.159-0.183	0.999-1.022	1.730-1.761
280 nm	0.000	--	1.089-1.356	--	0.154-0.178	0.982-1.005	1.703-1.735
320 nm	0.000	--	--	--	0.147-0.170	0.977-1.001	1.668-1.699
405 nm	0.000	--	--	--	0.143-0.166	0.985-1.008	1.615-1.647
550 nm	0.000	--	--	--	0.142-0.165	0.955.0.984	1.474-1.513
562 nm	0.000	--	--	--	0.141-0.164	0.962-0.989	1.469-1.503
595 nm	0.000	--	--	--	0.139-0.162	0.955-0.981	1.439-1.474
700 nm	0.000	--	--	--	0.130-0.153	0.917-0.966	1.364-1.417
800 nm	0.000	--	--	1.015-1.166	0.127-0.150	0.896-0.948	1.308-1.367
		Random error of wavelength Zufällige Messabweichung der Wellenlänge			Random error of photometer Zufällige Messabweichung des Photometers		
Limiting values CV (%)/Grenzwerte VK (%)							
260 - 405 nm		≤ 3.0 %			≤ 3.0 %	≤ 2.0 %	≤ 1.5 %
550 - 800 nm		≤ 3.0 %			≤ 3.0 %	≤ 2.0 %	≤ 3.0 %

Fluorescence unit

SN: 6137			
Filter Type		**F1 520 nm**	**F1 560 nm**
Ratio		0.95-1.05	0.95-1.05
		Random error of fluorescence Zufällige Messabweichung der Fluorescencemessung	
		Limiting values CV (%)/Grenzwerte VK (%)	
520 und 560 nm		≤ 3.0 %	

Wavelength and photometric accuracy/Wellenlängen- und photometrische Richtigkeit
traceable to/rückführbar auf
NIST SRM 2034, SN 04-A und SN 667

Wavelength and photometric characterization of filters:
All characterization is performed on a Cary 100 Bio reference UV-Vis spectrophotometer, SN EL 99023107.
The instrument is requalified regularly by the manufacturer, and is confirmed and documented to perform within manufacturer's specifications. The current instrument qualification is valid through April 2014.
For the current instrument qualification, the following, NIST traceable, certified secondary spectrometric calibration standards were used:

Wellenlängen- und photometrische Bestimmung der Filter:
Alle Messungen werden auf einem Cary 100 Bio Referenz-UV-Vis-Spektrophotometer, Seriennummer EL99023107 durchgeführt.
Dieses Instrument wird regelmäßig vom Hersteller requalifiziert und die spezifikationsgemäße Funktion dokumentiert.
Die aktuelle Qualifizierung ist bis April 2014 gültig und verwendet folgende, NIST-rückführbare und zertifizierte, spektrometrische Sekundärstandards:

Starna RM-0660HLKCSITX
Hellma 666-F1, 666-F2, 666-F3, 666-F4
SRM 2031a: SN 667, valid through/gültig bis 12/2014

The valid certificates are part of the requalification documentation.
Die Gültigkeitszertifikate sind Teil der Qualifizierungsdokumentation.

6137 928.025-00

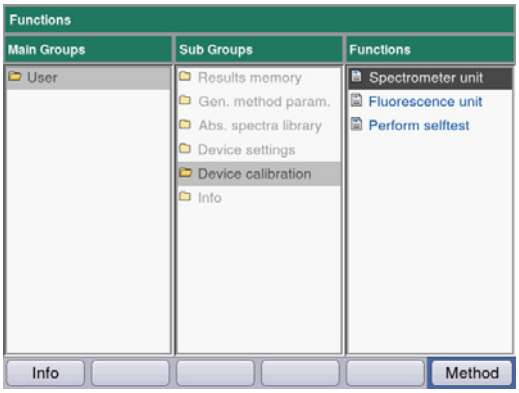
Please protect against dust, heat, cold and liquid.
The limits are valid for max. 2 years.
Bitte vor Staub, Hitze, Kälte und Flüssigkeiten schützen.
Die Grenzwerte gelten für max. 2 Jahre.

Date / Datum

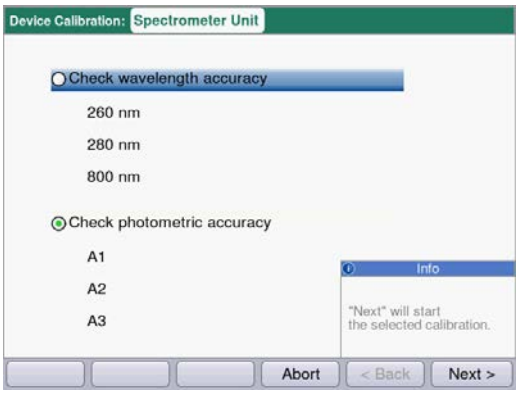
Signature / Unterschrift

Imag. 8-1: Lado interior de la tapa de la caja de filtros (muestra)

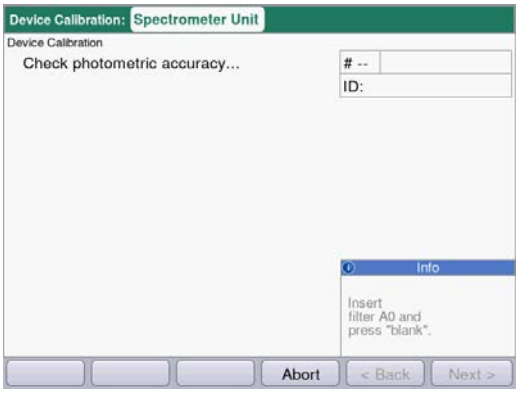
8.3.1.1 Comprobación de la exactitud fotométrica



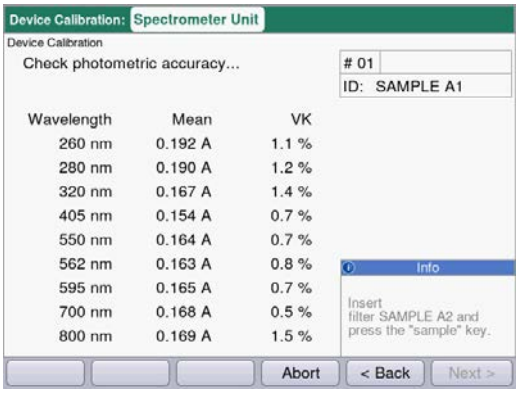
1. Seleccione en el grupo **Device calibration** la función **Spectrometer unit** y confírmela con **enter.**



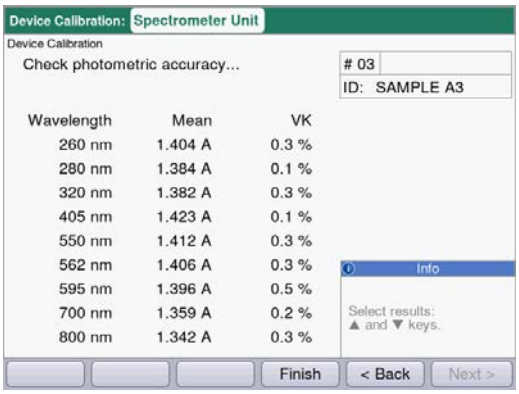
2. Seleccione aquí si desea comprobar la veracidad de las longitudes de onda o la exactitud fotométrica y confirme con **enter**. Conmute con [Next >] a la medición.



3. Siga las instrucciones que aparecen en el indicador del equipo y mida primero el filtro de blanco A0 y después el primer filtro de prueba A1.
   El equipo mide el filtro de prueba 15 veces en 9 longitudes de onda e indica luego los valores medios, así como los valores cv de la serie de mediciones para las 9 longitudes de onda.


Device Calibration: Spectrometer Unit
Device Calibration
Check photometric accuracy...
01
ID: SAMPLE A1
Wavelength Mean VK
260 nm 0.192 A 1.1 %
280 nm 0.190 A 1.2 %
320 nm 0.167 A 1.4 %
405 nm 0.154 A 0.7 %
550 nm 0.164 A 0.7 %
562 nm 0.163 A 0.8 %
595 nm 0.165 A 0.7 %
700 nm 0.168 A 0.5 %
800 nm 0.169 A 1.5 %
Info
Insert filter SAMPLE A2 and press the "sample" key.
Abort
< Back
Next >

4. Indicación de los resultados después de la medición de un filtro de prueba para comprobar la exactitud fotométrica.
   Mida los otros dos filtros de prueba A2 y A3.


Device Calibration: Spectrometer Unit
Device Calibration
Check photometric accuracy...
03
ID: SAMPLE A3
Wavelength Mean VK
260 nm 1.404 A 0.3 %
280 nm 1.384 A 0.1 %
320 nm 1.382 A 0.3 %
405 nm 1.423 A 0.1 %
550 nm 1.412 A 0.3 %
562 nm 1.406 A 0.3 %
595 nm 1.396 A 0.5 %
700 nm 1.359 A 0.2 %
800 nm 1.342 A 0.3 %
Info
Select results: ▲ and ▼ keys.
Finish
< Back
Next >

5. Indicación de resultados tras medición de los 3 filtros de prueba para comprobar la exactitud fotométrica.
   Con las teclas ▲ y ▼ puede volver a ver los resultados de los diversos filtros de prueba. Con [Finish] finaliza la comprobación.

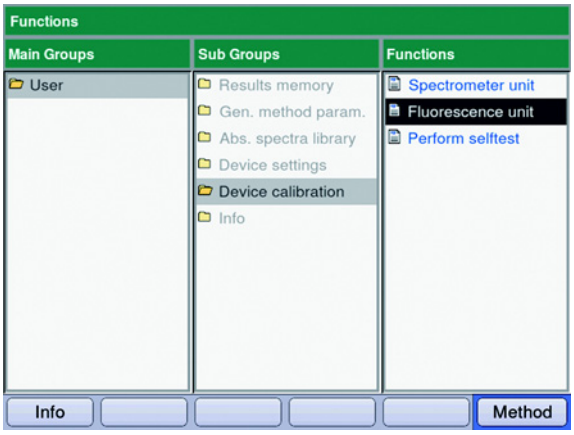
6. Compare los valores medios y los valores cv con la tabla suministrada.
   En caso de que los valores medidos no coincidan con el margen de valores permisible, diríjase al servicio técnico de Eppendorf.

Deje que el servicio técnico de Eppendorf certifique los filtros nuevamente después de 2 años.

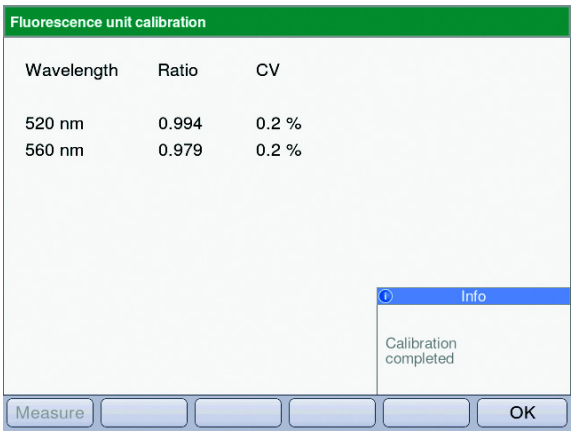
8.3.1.2 Comprobación de la veracidad de las longitudes de onda

- Para comprobar la veracidad de las longitudes de onda, debe proceder correspondientemente: aquí usted mide con 3 filtros de prueba en la respectiva longitud de onda.

8.3.2 Comprobación de la unidad de fluorescencia



1. Seleccione en el grupo **Device calibration** la función **Fluorescence unit**. Confírmelo con **enter.**
2. Coloque el filtro F1 en el compartimento de la cubeta. Pulse la tecla programable **Measure**. El equipo mide el filtro de prueba 15 veces en 2 longitudes de onda de emisión. Después de la medición, el indicador muestra 2 valores característicos: "Ratio" como medida para el ajuste correcto y "CV" como medida para el ruido.



3. Compare los valores característicos con los valores de la tabla suministrada. En caso de que los valores medidos no coincidan con el margen de valores permisible, diríjase al servicio técnico de Eppendorf.

8.3.3 Autocomprobación del equipo

Puede ajustar la frecuencia de la autocomprobación (duración aprox. 1 minuto) por medio de la función **Device settings** (ver *Device Settings en pág. 68)*. El ajuste de fábrica para el **Intervalo de autocomprobación** es "semanalmente".

En la autocomprobación se comprueban los siguientes puntos:

- Comprobación del detector
  - Determinación del error de medición aleatorio en todo el espectro disponible
- Comprobación de la fuente de luz
  - Comprobación de la energía máximamente disponible de la fuente de luz y de la calidad del recorrido óptico a través del equipo
  - Determinación del error de medición aleatorio de una señal en el sensor de referencia
  - Determinación de la altura de la señal en el sensor de referencia
  - Determinación separada de la intensidad de la luz en la parte ultravioleta del espectro
- Determinación del error de medición sistemático y aleatorio de la longitud de onda
  - Posición de un pico de intensidad en la parte ultravioleta del espectro
  - Precisión de la posición de un pico de intensidad en la parte ultravioleta del espectro
- Determinación del error de medición aleatorio de la luz de excitación ("ruido errático")
- Determinación de la altura y desviación de la señal de la luz emitida

▸ Seleccione en el grupo **Device calibration** la función **Perform selftest** y confírmelo con **enter.**

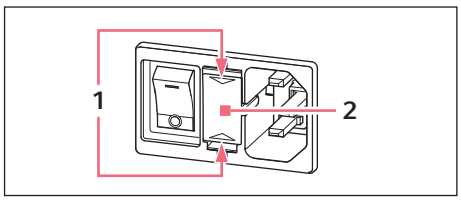
Una vez transcurrida la autocomprobación, el indicador muestra el siguiente mensaje: **PASSED**.
Si el indicador muestra el mensaje **FAILED**, la autocomprobación ha fallado. Si este error no se deja solucionar (ver *Mensajes de error en pág. 85)*, diríjase al servicio técnico de Eppendorf.

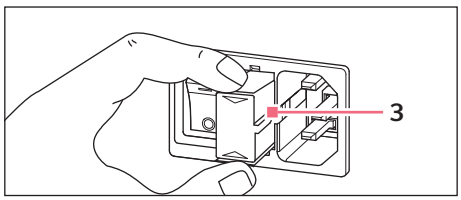
8.4 Sustituir fusibles

¡PELIGRO! Descarga eléctrica.

▸ Apague el dispositivo y desconecte el enchufe de la red antes de empezar con el mantenimiento o la limpieza.

El portafusible se encuentra entre la hembrilla de conexión a la red eléctrica y el interruptor de la red.





1. Extraiga el conector de red.
2. Presione los resortes de plástico **1** arriba y abajo y extraiga por completo el portafusible **2**.
3. Sustituya los fusibles defectuosos vuelva a insertar el portafusible. Preste atención a la posición correcta del riel guía **3**.

8.5 Descontaminación antes del envío

Cuando envíe el equipo en caso de reparación al servicio técnico autorizado o en el caso de eliminación del mismo a su concesionario, tenga en cuenta lo siguiente:

¡ADVERTENCIA! Riesgo para la salud debido a la contaminación del dispositivo.

1. Tenga en cuenta las indicaciones del certificado de descontaminación. Encontrará estas indicaciones como fichero PDF en nuestra página de Internet (www.eppendorf.com/decontamination).
2. Descontamine todas las piezas que desee enviar.
3. Adjunte al envío el certificado de descontaminación completamente rellenado.

9 Solución de problemas

9.1 Errores generales

Error	Causa posible	Solución
Los resultados de medición no son precisos.	• Fecha de caducidad del reactivo excedida.	▸ Cerciórese de que el reactivo aún no haya caducado y que sea preparado correctamente.
	• Reactivo no preparado correctamente.	▸ Utilice para la preparación, si es que se necesita, agua desmineralizada limpia que tenga la calidad adecuada.
	• Pipeteo incorrecto.	▸ Cerciórese de que la pipeta esté calibrada y que pipetee correctamente.
	• Desarrollo de la incubación antes de la medición incorrecto.	▸ Si el método requiere una incubación antes de la medición, asegúrese de que la temperatura y la duración de la incubación sean respetadas exactamente.
	• Cubeta sucia.	▸ Limpie y lave la cubeta. Preste atención al cambiar la cubeta que la ventana óptica de la cubeta no se ensucie y no sea tocada con los dedos. ▸ Si la ventana de la cubeta está manchada con huellas dactilares, límpiela mediante frotamiento con un paño libre de pelusa humedecido en etanol o isopropanol.
	• Cubeta no llenada completamente y sin burbujas con la solución de medición.	▸ Cerciórese de que se alcance el volumen mínimo de la cubeta que se requiere para una medición y que la solución de medición no contenga burbujas.
	• Turbiedades en la solución de medición.	▸ Centrifugue las soluciones de medición turbias que contengan partículas y utilice el sobrenadante claro.
	• El espectrofotómetro deriva.	▸ Diríjase al servicio técnico de Eppendorf. ▸ Aténgase a las condiciones ambientales prescritas. ▸ Evite grandes fluctuaciones de temperatura.
	• Compartimento de la cubeta sucio.	▸ Limpie el compartimento de la cubeta .
	• Fluorimetría: las sustancias perturbadoras refuerzan o debilitan la señal de fluorescencia.	▸ Elimine las sustancias perturbadoras. Si no es posible eliminar las sustancias perturbadoras, no se puede utilizar la fluorimetría como método de medición.
	• Fluorimetría: la cubierta del compartimento de la cubeta está abierta.	▸ Cierre la cubierta del compartimento de la cubeta antes de la medición.

Error	Causa posible	Solución
Los resultados de medición son incorrectos.	• Método programado de forma errónea.	▸ Cerciórese de que los parámetros del método hayan sido introducidos correctamente.
	• Solución patrón no preparada correctamente.	▸ Cerciórese de que se utilice la solución patrón correcta y que la solución de medición sea preparada correctamente para la solución patrón.
	• La extinción del reactivo deriva.	▸ En una extinción del reactivo inestable y métodos de punto final: en la medición de una larga serie de muestras debe medir el blanco del reactivo no solamente al comienzo, sino también durante la serie de muestras. En caso de deriva del valor del blanco, el reactivo no es apropiado para mediciones libres de errores y debe sustituirse por un reactivo nuevo.
	• La cubeta no está posicionada correctamente.	▸ Posicione la cubeta en el compartimento de tal forma que las ventanas ópticas señalen en dirección del recorrido óptico. ▸ Haz de luz de la fotometría: de atrás hacia adelante ▸ Haz de luz de la fluorimetría: de derecha a izquierda

9.2 Mensajes de error

Las indicaciones de mensajes de error se pueden abandonar pulsando la tecla programable [OK].

Los errores de sistema requieren una evaluación por parte del servicio técnico. Estos errores son visualizados en inglés **(System error ...)**. En estos casos diríjase, por favor, al servicio técnico. Otros mensajes de error, en los que usted mismo puede tomar medidas para su solución, están explicados en la siguiente tabla.

Síntoma/mensaje	Causa	Ayuda
Fallo en la autocomprobación.	• La cubierta del compartimento de la cubeta estaba abierta durante la autocomprobación. • El compartimento de la cubeta no estaba vacío durante la autocomprobación.	▸ Repita la autocomprobación con el compartimento de la cubeta vacío y cerrado.
	• El equipo está defectuoso.	▸ Diríjase al servicio técnico de Eppendorf.
No fue posible exportar el fichero.	En la exportación de datos: • Memoria USB mal formateada o defectuosa. • Memoria USB extraída demasiado temprano del equipo (durante la exportación).	▸ Formatear la memoria USB de nuevo o reemplazarla. ▸ Volver a conectar la memoria USB y repetir la exportación.
No fue posible inicializar la impresora.	• Impresora no conectada o apagada. • Impresora mal configurada.	▸ Conectar la impresora y encenderla. ▸ Configurar la impresora nuevamente. Los ajustes de la impresora para una configuración correcta están especificados en la descripción de la instalación (ver *Conexión de la impresora al puerto USB en pág. 20)*.
Medición de blancos: la intensidad en uno de los píxeles con influencia sobre una longitud de onda principal, secundaria o de escaneo es demasiado baja.	• La solución de blanco utilizada para la medición del blanco tiene una extinción demasiado alta. • Solución de blanco turbia o equivocada. • En escaneos: el rango de longitudes de onda es demasiado grande, ya que la muestra absorbe fuertemente en una parte del rango de longitudes de onda.	▸ Comprobar la solución de blanco y medir el blanco nuevamente, dado el caso. ▸ En escaneos: adaptar el rango de longitudes de onda al espectro de la muestra.
Medición de blancos: la emisión en la longitud de onda de medición es demasiado alta.	• La solución de blanco utilizada para la medición del blanco tiene una fluorescencia demasiado alta. • Solución de blanco turbia o equivocada.	▸ Comprobar la solución de blanco y medir el blanco nuevamente.

Síntoma/mensaje	Causa	Ayuda
El nombre introducido no es válido.	• Error en la entrada de nombres. Diversas causas son posibles. Para determinar la causa concreta, prestar atención a la información en el cuadro de ayuda.	▸ Véase la información en el cuadro de ayuda.
Ya existe un método (o una carpeta, tinción, proteína, ácido nucleico, unidad) con este nombre.	• El nombre con el cual se quiere almacenar el método ya ha sido utilizado para otro método en la misma carpeta. • Este mensaje también aparece cuando se editan nombres que ya han sido otorgados a una carpeta o (bajo **General Method Parameter)** a un ácido nucleico (colorante, proteína, unidad de concentración).	▸ Modificar el nombre.
Los siguientes valores de parámetro no están definidos en **General Method Parameter**:	• Al abrir un método, cuyo parámetro recurre a **General Method Parameter**, se ha constatado que por lo menos un parámetro (colorante, ácido nucleico, proteína, unidad) ya no existe allí, es decir, que probablemente ha sido borrado.	▸ Seleccione otro parámetro de la lista existente. Si es necesario, programe una nueva entrada en la lista en **General Method Parameter** para poder recurrir a ella al programar un nuevo método.
El valor del parámetro marcado con ***** no está definido en los Gen. Meth. Param. Por favor, corrija el parámetro.	Este mensaje de error aparece al editar parámetros de método. • El parámetro no está definido en **General Method Parameter**.	▸ Seleccione otro parámetro de la lista existente. Si es necesario, programe una nueva entrada en la lista en **General Method Parameter** para poder recurrir a ella al programar un nuevo método.
Intervalo de zoom inválido.	En el proceso de zoom con entrada libre de límites (tecla programable [Free]): • Los valores han caido por debajo de los límites inferiores del intervalo de zoom.	▸ Introduzca los valores de tal forma que el intervalo no caiga por debajo de los límites del rango de 0,02 A y 10 nm.
Las concentraciones de solución patrón introducidas no ascienden y/o descienden monótonamente. Por favor, corregir las concentraciones de solución patrón.	• Véase el texto de error.	▸ Introducir las concentraciones de solución patrón de tal forma que la primera solución patrón obtenga la concentración más baja y las siguientes concentraciones de solución patrón formen una secuencia ascendente.

Síntoma/mensaje	Causa	Ayuda
Por lo menos dos concentraciones de solución patrón son idénticas. Por favor, corregir las concentraciones de solución patrón.	• Véase el texto de error.	▸ Introducir las concentraciones de solución patrón de tal forma que la primera solución patrón obtenga la concentración más baja y las siguientes concentraciones de solución patrón formen una secuencia ascendente.
¡Los valores de medición no son estrictamente monótonos!	• Error en la medición de una serie de soluciones patrón: los valores de extinción medidos de la serie no ascienden o descienden continuamente.	▸ Repita las mediciones de solución patrón o borre el resultado de solución patrón medido erróneamente.
No es posible introducir el ID.	• Fallo en la introducción del ID de la muestra. Diversas causas son posibles. Para determinar la causa concreta, prestar atención a la información en el cuadro de ayuda.	▸ Véase la información en el cuadro de ayuda.
No es posible indicar la dilución.	• Fallo en la introducción de la dilución. Diversas causas son posibles. Para determinar la causa concreta, prestar atención a la información en el cuadro de ayuda.	▸ Véase la información en el cuadro de ayuda.
El cálculo no es posible, ya que se está dividiendo entre cero. El resultado de la extinción o el parámetro Formula "b" es cero.	• En la evaluación de un método del tipo **División** (grupo de métodos **Longitud de onda dual**) se tuvo que dividir entre un resultado de extinción con valor "cero". Esto no es permisible matemáticamente.	▸ Compruebe los reactivos y muestras utilizados y repita la medición. ▸ No introduzca "cero" como valor para el parámetro Formula **b**.
Sólo se puede realizar una medición más en esta serie de mediciones. Se ha alcanzado el máximo número de mediciones en una serie de mediciones.	• El número de mediciones en una serie de mediciones está limitado a 99.	▸ Después de 99 mediciones se tiene que iniciar una nueva serie de mediciones.

Síntoma/mensaje	Causa	Ayuda
¡Intervalo de zoom no válido!	Fallo en el paso de método **process results** en el modo zoom. Rango de zoom permisible para la escala de longitudes de onda: • Intervalo de longitud de onda por lo menos 10 nm • Entradas de longitudes de onda sólo dentro del rango programado en los parámetros para el método. Rango de zoom permisible para la escala de extinción: • Intervalo de extinción por lo menos 0,02 A • Límite superior e inferior para el intervalo de extinción +3 A y/o –3 A	▸ Observe los límites mencionados durante la aplicación del zoom.

9.3 Identificaciones de resultados

Las advertencias y mensajes de error referentes a los resultados aparecen en el cuadro de ayuda en la parte inferior derecha del indicador. En caso de advertencias, el fondo del encabezamiento del cuadro de ayuda es de color amarillo, y en caso de mensajes de error es rojo.

Advertencias: decida usted bajo consideración de la advertencia indicada si el resultado le sirve de algo.

Mensajes de error: no se muestra ningún resultado; el motivo es indicado en el mensaje de error.

Síntoma/mensaje	**Causa**	**Ayuda**
La curva estándar no es monótona. Por favor, seleccionar otro Curve Fit.	• En la evaluación de una curva de solución patrón con los métodos **Curve Fit** "spline interpolation", "quadratical regression" o "cubical regression" no se obtuvo ningún resultado aprovechable.	▸ Seleccionar otro método **Curve Fit**.
Algunos valores de extinción en longitudes de onda secundarias son demasiado altos y no son indicados.	• En por lo menos una longitud de onda secundaria la extinción se encontraba por encima del campo de medida. • Las longitudes de onda secundarias no se utilizan para el cálculo del resultado de concentración, sino para otros fines. Por ejemplo el método **dsDNA:** extinción a 280 nm para el cálculo de **Ratio 260/280**. • Turbiedades en la solución de medición • Mediciones en los límites del campo de medida fotométrico.	▸ Cuando los valores de extinción de las longitudes de onda secundarias son relevantes: diluir la muestra y/o eliminar la turbiedad por medio de centrifugación y repetir la medición.
El resultado se encuentra fuera del rango de las concentraciones de solución patrón.	• En métodos con evaluación vía curvas de solución patrón (métodos de evaluación no lineales): el resultado de la muestra se encuentra fuera del rango de las concentraciones de solución patrón por un valor de hasta 5 %.	▸ Aceptar el resultado de medición o medir la muestra nuevamente bajo condiciones en las que el resultado se encuentre dentro del rango de las concentraciones de solución patrón (diluir la muestra o modificar las concentraciones de solución patrón y volver a medir).

Síntoma/mensaje	Causa	Ayuda
El coeficiente de determinación es < 0,8.	• En métodos con evaluación de series de solución patrón vía métodos de regresión: el coeficiente de determinación para la evaluación de regresión indica que hay una desviación considerable de los puntos de medición de la recta de regresión. • Turbiedades en la solución de medición. • Mediciones en los límites del campo de medida fotométrico.	▸ Aceptar el resultado de la evaluación de solución patrón o medir las soluciones patrón nuevamente. ▸ Prestar atención de que las soluciones de medición sean claras.
El coeficiente de determinación para la evaluación de regresión de la serie de solución patrón es < 0,8.	• En métodos con evaluación de series de solución patrón vía métodos de regresión: la advertencia aparece después de mediciones de muestras, cuando la evaluación de regresión de la serie de solución patrón no fue lineal, pero el usuario acepta la evaluación de la solución patrón.	▸ Utilizar los resultados de las muestras con la reserva mencionada o medir la serie de solución patrón y las muestras nuevamente.
Escaneo: algunas extinciones medidas son demasiado altas y no son indicadas.	• En por lo menos una longitud de onda del escaneo la extinción se encontraba por encima del campo de medida. • Turbiedades en la solución de medición. • Mediciones en los límites del campo de medida fotométrico.	▸ Cuando los campos no indicados del escaneo son relevantes: diluir la muestra y/o eliminar la turbiedad por medio de centrifugación y repetir la medición.
La extinción en la long. de onda de medición es demasiado alta. La emisión en la long. de onda de medición es demasiado alta.	• Turbiedades en la solución de medición. • Las superficies ópticas de la cubeta están sucias. • Cubeta introducida al revés en el compartimento de la cubeta. • Fotometría: extinción demasiado elevada de la solución de medición. Fluorimetría: emisión demasiado elevada de la solución de medición.	▸ Medir nuevamente bajo consideración de las posibles causas.
El resultado calculado es negativo.	• Solución de medición mal preparada. • Factor introducido erróneamente (signo equivocado).	▸ Medir nuevamente bajo consideración de las posibles causas.
Por lo menos uno de los resultados es negativo.	• En métodos con varios resultados (p. ej., **Dye labels**). • Solución de medición mal preparada. • Factor introducido erróneamente (signo equivocado).	▸ Medir nuevamente bajo consideración de las posibles causas.

Síntoma/mensaje	Causa	Ayuda
El resultado tiene más de 6 posiciones predecimales.	• Concentración de muestra muy elevada. • La unidad de concentración no coincide con el rango esperado de la concentración de la muestra.	▸ Diluir la muestra y medir nuevamente. ▸ Modificar la unidad de concentración (parámetro **Unit**) y medir nuevamente.
El resultado se encuentra por más de 5 % fuera del rango de las concentraciones de solución patrón.	• En métodos con evaluación vía curvas de solución patrón (método de evaluación no lineal): El resultado de la muestra se encuentra por más de 5 % fuera del rango de las concentraciones de solución patrón.	▸ Medir la muestra nuevamente bajo condiciones en las que el resultado se encuentre dentro del rango de las concentraciones de solución patrón (diluir la muestra, modificar las concentraciones de solución patrón y volver a medir).
• El cálculo no es posible, ya que se está dividiendo entre cero. El valor de extinción es cero. • Error en el cálculo. División entre cero.	• En la evaluación se tuvo que dividir entre un resultado de extinción con el valor "cero". Esto no es permisible matemáticamente. Ejemplos: cálculo de un factor en la calibración de punto final; cálculo de una relación 260/280 en mediciones de ácidos nucleicos.	▸ Compruebe los reactivos y muestras utilizados y repita la medición.
El cálculo no es posible, ya que se está dividiendo entre cero. El resultado de la extinción o el parámetro Formula **b** es cero.	• En la evaluación de un método del tipo **División** (grupo de métodos **Longitud de onda dual**) se tuvo que dividir entre un resultado de extinción con valor "cero". Esto no es permisible matemáticamente.	▸ Compruebe los reactivos y muestras utilizados y repita la medición. ▸ No introduzca "cero" como valor para el parámetro Formula **b**.

10 Transporte, almacenaje y eliminación

10.1 Transporte

- Utilice el embalaje original para el transporte.

	Temperatura del aire	**Humedad relativa**	**Presión atmosférica**
Transporte general	-25 °C – 60 °C	10 % – 95 %	30 kPa – 106 kPa
Transporte aéreo	-40 °C – 55 °C	10 % – 95 %	30 kPa – 106 kPa

10.2 Almacenamiento

	Temperatura del aire	**Humedad relativa**	**Presión atmosférica**
En embalaje de transporte	-25 °C – 55 °C	25 % – 75 %	70 kPa – 106 kPa
Sin embalaje de transporte	-5 °C – 45 °C	25 % – 75 %	70 kPa – 106 kPa

10.3 Eliminación

Si debe eliminar el producto, debe tener en cuenta las normativas relevantes.

Información sobre la eliminación de dispositivos eléctricos y electrónicos en la Comunidad Europea:

Dentro de la Comunidad Europea, la eliminación de dispositivos eléctricos está regulada por normativas nacionales basadas en la directiva de la UE 2012/19/UE sobre equipos eléctricos y electrónicos (RAEE).

De acuerdo con estas normativas, los dispositivos suministrados después del 13 de agosto de 2005 en el ámbito "business-to-business", al que pertenece este producto, no pueden eliminarse como desechos municipales ni domésticos. Para documentarlos, los dispositivos han sido marcados con la identificación siguiente:

Como las normativas de eliminación pueden variar de un país a otro dentro de la UE, póngase en contacto con su distribuidor, en caso necesario.

11 Datos técnicos

11.1 Suministro de corriente

Suministro de tensión	100 V a 240 V ±10 %, 50 Hz a 60 Hz
Categoría de sobretensión	II
Grado de ensuciamiento	2
Consumo de potencia	Máxima potencia posible según la placa indicadora de tipo: 25 W aprox. 15 W durante el manejo aprox. 5 W con pantalla atenuada
Corte de electricidad admisible	aprox. 10 ms a 90 V aprox. 20 ms a 230 V
Clase de protección	I
Fusibles	T 2,5 A/250 V, 5 mm × 20 mm (2 unidades)

11.2 Condiciones del entorno

Funcionamiento	Temperatura ambiente: 15 °C a 35 °C Humedad relativa: 25 % a 70 % Presión atmosférica: 86 kPa a 106 kPa
Presión atmosférica	Utilización hasta una altura de 2.000 m sobre el nivel del mar

Proteger contra la luz solar directa.

11.3 Peso/dimensiones

Peso	5,4 kg
Dimensiones	Ancho: 295 mm Profundidad: 400 mm Altura: 150 mm
Espacio requerido	Ancho: 500 mm (con impresora térmica: 750 mm) Profundidad: 500 mm

11.4 Propiedades fotométricas

Principio de medición	Espectrofotómetro de absorción de un solo haz con haz de referencia
Fuente de luz	Lámpara de destello de xenón
Descomposición espectral	Rejilla cóncava holográfica con corrección de aberraciones
Receptor de radiación	Matriz de fotodiodos CMOS
Longitudes de onda	200 nm a 830 nm
Selección de la longitud de onda	En función del método, libremente seleccionable
Ancho de banda espectral	≤ 4 nm
Ancho de paso más pequeño	1 nm
Error de medición sistemático de la longitud de onda	±1 nm
Error de medición aleatorio de la longitud de onda	≤ 0,5 nm
Rango de medición fotométrico	0 A a 3,0 A con 260 nm
Exactitud de lectura	ΔA = 0,001
Error de medición aleatorio del fotómetro	≤ 0,002 con A = 0 ≤ 0,005 (0,5 %) con A = 1
Error de medición sistemático del fotómetro	±1 % con A = 1
Porcentaje de destellos parásitos	< 0,05 %

11.5 Fluorimeter

Principio de medición	Fluorímetro de filtro confocal con haz de referencia
Fuente de luz	LED
Descomposición espectral	Estructura de filtros dicroicos y de paso largo
Receptor de radiaciones	Fotodiodo
Longitud de onda de excitación	470 nm Ancho de banda: 25 nm
Longitud de onda de emisión I	520 nm Ancho de banda: 15 nm
Longitud de onda de emisión II	560 nm Ancho de banda: 40 nm
Campo de medida	De 0,5 nM a 1 000 nM de fluoresceína (longitud de onda de emisión 520 nm)
Error de medición aleatorio del fluorímetro	±2 % a 1 nM de fluoresceína (longitud de onda de emisión 520 nm)

11.6 Otros parámetros técnicos

Material de las cubetas	Para mediciones en el rango UV: Vidrio de sílice o plástico transparente a la luz UV (UVette de Eppendorf, 220 nm a 1600 nm) Para mediciones en el rango visible: Vidrio o plástico
Compartimento de la cubeta	12,5 mm × 12,5 mm, no calefactado
Altura total de las cubetas	Mín. 36 mm
Altura del haz de luz en la cubeta	8,5 mm
Teclado	22 teclas de membrana 6 teclas de membrana como teclas programables
Emisión de resultados	Extinción, concentración, escaneo (espectro de longitudes de onda de extinción) Otros datos adicionales dependientes del método (ratio, FOI, extinciones de fondo) Fluorimetría: RFU, concentración
Indicador	Pantalla TFT de 5,7", VGA
Idiomas de la guía del operador	Inglés, francés, español, italiano, alemán
Interfaces	USB Master: para memoria USB e impresora térmica DPU-S445 USB Slave: para la conexión a un ordenador Interfaz serial RS 232: para la impresora térmica DPU-414 Interfaz Ethernet RJ45: para conexión con una red Los equipos conectados tienen que cumplir los requisitos de seguridad según la norma IEC 60950-1.

11.7 Parámetros de aplicación

Métodos	Métodos preprogramados y libremente programables para todos los procedimientos de medición y evaluación: • Mediciones de extinción en una o varias longitudes de onda, escaneos • Mediciones de fluorescencia a 520 nm o 560 nm • Ácidos nucleicos y proteínas, OD600, métodos de tinción (medición paralela de biomolécula y marca de colorante) • Métodos con evaluación vía factor, solución patrón y serie estándar • Método de dos longitudes de onda con evaluación por subtracción y división
Evaluación en función del método	Extinción, concentración vía factor y solución patrón. RFU, concentración vía solución patrón Concentración vía serie estándar: • Regresión lineal • Regresión no lineal (polinomio de 2do y 3er grado) • Evaluación de Spline • Interpolación lineal (evaluación de punto a punto) Cálculos de extinción vía subtracción y división Datos adicionales para ácidos nucleicos: ratio 260/280 y 260/230; concentración molar, rendimiento total Datos adicionales para métodos de tinción: FOI (frecuencia de incorporación, densidad de marcado) Escaneos: zoom, evaluación de picos
Memoria de métodos	> 100 programas de métodos
Memoria de valores de medición y memoria de calibración	Memoria para > 1 000 resultados con todos los datos de la evaluación del resultado y de la solución patrón, número de la muestra, nombre de la muestra, fecha y el juego de parámetros utilizado del programa de método (El número de los resultados almacenados depende del número de los métodos almacenados.)

12 Método de evaluación

Este capítulo describe los métodos de evaluación disponibles en los programas de métodos, así como el cálculo de una dilución a través del software del dispositivo.

Tenga en cuenta al comparar los resultados de medición con resultados de otros fotómetros/ espectrofotómetros que los valores pueden depender del ancho de banda de los dispositivos. En los siguientes casos las diferencias pueden ser considerables:

- El espectro de extinción muestra en la longitud de onda de medición un pico estrecho.
- La medición no se realiza en el máximo, sino en el flanco de un pico.

Por ello, verifique la exactitud del método mediante medición de soluciones patrón.
En la fluorometría no se pueden comparar los valores RFU de un equipo a otro, sino que siempre se tienen que relacionar a soluciones patrón con una fluorescencia o concentración conocida.

12.1 Valores de extinción

Los valores de extinción se muestran como A_{XXX} (las XXX representan la longitud de onda). Estas indicaciones equivalen siempre a los valores directamente medidos, es decir, sin correcciones que se incorporan en la posterior evaluación como, p.ej., correcciones para espesores de capa ópticos de la cubeta o correcciones de fondo.

12.1.1 Valor de blanco

Todos los valores de extinción se refieren siempre al blanco medido la última vez. Por ello, una medición del blanco es obligatoria al comienzo de cada serie de mediciones y también es posible en cualquier momento durante una serie de mediciones. En el caso ideal, la medición del blanco debería poder compensar todas las posibilidades de influencia sobre el valor de extinción de la solución de medición. Por ello, el blanco se debería medir con la misma solución tampón utilizada para la medición de la muestra, así como en la misma cubeta como el valor de la muestra, a menos que las cubetas utilizadas para la medición del blanco y de la muestra hayan sido sintonizadas ópticamente, es decir, tengan el mismo valor de extinción en la longitud de onda de medición.

12.1.2 Corrección de fondo

Aplicación principal: corrección parcial de falsificaciones de la extinción en mediciones de ácidos nucleicos debido a turbiedades en la solución de medición. Por ejemplo, la extinción a 320 nm, la cual debería encontrarse aprox. en 0 A en ácidos nucleicos puros, es restada de la extinción a 260 nm, que es la longitud de onda de medición para ácidos nucleicos.

$$A_{XXX,corrBkgr} = A_{XXX} - A_{Bkgr}$$

$A_{XXX,\ korrBkgr}$ = extinción corregida aritméticamente en la longitud de onda XXX nm.

A_{XXX} = = extinción medida en la longitud de onda XXX nm.

A_{Bkgr} = extinción medida en la longitud de onda de fondo.

12.1.3 Corrección de cubeta

Todos los valores de extinción que se incorporan en los cálculos de resultados, están normalizados a un espesor de capa de la cubeta de 10 mm. Si se utiliza una cubeta con otro espesor de capa, este espesor de capa se tiene que definir en el parámetro **Cuvette**. En este caso, las extinciones medidas son corregidas a resultados de medición con una cubeta con un espesor de capa de 10 mm antes de la conversión a resultados de muestras.

Esta corrección se aplica a:
- Métodos con evaluación vía factor.
- Métodos del grupo ***Absorbance***, en donde solamente se emiten valores de extinción.

La corrección no se aplica a:
- Métodos con evaluación vía soluciones patrón, ya que esto presupone que las soluciones patrón y las muestras son medidas en cubetas con el mismo espesor de capa.
- Cálculos con división: método **Division** (grupo de métodos **Dual wavelength**), así como cálculo de ratios como A_{260}/A_{280} (en mediciones de ácidos nucleicos).

$$A_{XXX,corrCuv} = A_{XXX} \times \frac{10}{Cuv}$$

$A_{XXX,\ korrCuv}$ = extinción corregida aritméticamente en la longitud de onda XXX nm.

A_{XXX} = extinción medida en la longitud de onda XXX nm.

Cuv = espesor de capa de la cubeta.

12.2 Evaluación con factor o con solución patrón

$$C = A \times F$$

C = concentración calculada.

A = extinción.

F = factor.

El factor está programado en la lista de parámetros y se puede modificar. Se refiere siempre al grosor de la cubeta de 10 mm. Si modifica el parámetro **Cuvette**, esta modificación será considerada por el equipo al calcular el resultado. No tiene que modificar el factor para la evaluación.

Si modifica la unidad de la concentración, sin embargo, tiene que prestar atención a que el factor esté adaptado a la unidad seleccionada.

El factor o bien es introducido directamente como parámetro en el método de evaluación "Factor" o bien es calculado en el método de evaluación "Solución patrón" (evaluación con una concentración patrón):

$$F = \frac{C_S}{A_S}$$

F = factor calculado.

C_S = concentración de la solución patrón (introducida como parámetro).

A_S = extinción medida de la solución patrón.

Si se programó medición múltiple (2 ó 3 réplicas) para la solución patrón, se forma el promedio de las extinciones medidas de las réplicas y se utiliza como A_S.

12.3 Evaluación con curva/línea recta de solución patrón

Si se realiza la evaluación con más de una solución patrón, es posible seleccionar con [Curve fit] en el paso de método **measure standards/new** los siguientes métodos de evaluación para la curva/línea recta de solución patrón:

Método de evaluación	**Descripción**	**Mínimo número de puntos estándar requerido**
linear interpolation	Conexión lineal de punto a punto en el gráfico de concentración y extinción de la evaluación de solución patrón.	Mínimo 2 soluciones patrón.
linear regression	Regresión polinomial para polinomio de primer grado.	Mínimo 3 soluciones patrón.
quadratical regression	Regresión polinomial para polinomio de segundo grado.	Mínimo 4 soluciones patrón.
cubical regression	Regresión polinomial para polinomio de tercer grado.	Mínimo 5 soluciones patrón.
spline interpolation	Interpolación mediante splines cúbicos naturales.	Mínimo 3 soluciones patrón.

Para métodos de regresión se puede seleccionar además que la línea recta de regresión (curva de regresión) pase por el punto cero.

- Utilice para líneas rectas de calibración el método "linear regression".
- Pruebe en trayectos en curva qué método de evaluación (regresión cuadrática, regresión cúbica, interpolación spline) resulta ser la función mejor adecuada para la evaluación de solución patrón. La interpolación spline une los puntos de medición por medio de polinomios cúbicos, mientras que los métodos de regresión colocan una función cuadrática y/o cúbica de tal modo entre los puntos de medición que para los puntos de medición resulten unas desviaciones relativamente pequeñas de la función.
- En los métodos de regresión también se muestra el coeficiente de determinación (coefficient of determination) como medida para la dispersión de los puntos de medición en torno a la función calculada, aparte de la ecuación de regresión calculada. Con un valor de < 0,8 para el coeficiente de determinación, el resultado estará provisto de una advertencia.
- Si la primera solución patrón tiene la concentración "0", seleccione el ajuste para que la línea recta de regresión (curva de regresión) pase por el punto cero.
- En caso de que ninguno de los métodos recomendados para trayectos en curva produzca resultados satisfactorios, seleccione el método "linear interpolation".

12.4 Dilución

Las diluciones introducidas en el paso de método **measure samples** son tomadas en consideración en el cálculo del resultado:

$$C_{Dil,korr} = C \times \frac{V_P + V_{Dil}}{V_P}$$

$C_{Dil,\ korr}$ = resultado convertido con el factor de dilución

V_P = volumen de la muestra en la solución de medición

V_{Dil} = volumen del diluente en la solución de medición

12.5 Procedimientos de evaluación especiales para ácidos nucleicos y proteína UV

Este apartado se ocupa de la evaluación de ácidos nucleicos y/o proteínas en los grupos de métodos **Nucleic acids** y **Proteins direct UV**, así como de componentes biomoleculares correspondientes del grupo de métodos **Dye labels**.

12.5.1 Corrección A_{260} y corrección A_{280}

Aplicación: corrección de la influencia de la extinción de colorante sobre la extinción de ácidos nucleicos y/o proteínas a 260 y 280 nm en los métodos del grupo **Dye labels**.

La aplicación del procedimiento de evaluación se puede activar en los parámetros **Correct A260** y/o **Correct A280**.

$$A_{XXX,corr} = A_{XXX} - CF \times A_{YYY}$$

$A_{XXX,\ korr}$ = extinción corregida aritméticamente en la longitud de onda 260 nm y/o 280 nm

A_{XXX} = extinción medida en la longitud de onda 260 nm y/o 280 nm

CF = factor de corrección para la longitud de onda 260 nm y/o 280 nm (los dos factores de corrección para 260 nm y para 280 nm son específicos para un colorante y se programan en **General Method Parameter: Dyes** en el área **Functions**).

A_{YYY} = extinción medida en la longitud de onda del colorante.

Los valores de extinción mostrados en los indicadores de resultados son los valores de extinción directamente medidos y no corregidos.

12.5.2 Ratio A260/A280 y ratio A260/A230

Aplicación: información acerca de la pureza del ácido nucleico medido. La aplicación del procedimiento de evaluación se puede activar en los parámetros **A260/280** y/o **A260/A230**.

"Ratio" denomina el cociente de las extinciones medidas en las longitudes de onda mencionadas.

Valores de bibliografía para los valores "ratio" en ácidos nucleicos puros:

A260/A280
- ADN: 1,8 a 1,9
- ARN: 1,9 a 2,0
  (Current Protocols in Molecular Biology, 1994)

A260/A230

Para la ratio A260/A230 se encuentran diferentes indicaciones en la bibliografía respecto a ácidos nucleicos puros:

- ADN: 2,3 a 2,5
  (The Nucleic Acids, 1955)
- ADN: 1,9
  (Current Protocols in Molecular Biology, 1994)

Los valores dependen fuertemente del valor del pH. Por ello, los ácidos nucleicos no se deberían medir en agua, sino en una solución tampón con un valor pH de 7 a 7,2 (p.ej., solución tampón TE).

12.5.3 Conversión en concentraciones molares y cantidades de ácidos nucleicos

La conversión solamente se puede aplicar para ácidos nucleicos y métodos de tinción con ácidos nucleicos como componente biomolecular. La conversión se efectúa en el paso de método **process results/More calculations**.

12.5.3.1 Cálculo de la cantidad

Aplicación: cálculo de la cantidad (masa) de ácido nucleico en todo el volumen de la muestra.

$$M = C \times V_{P,gesamt}$$

M = cantidad total calculada (masa) del ácido nucleico en el recipiente de la muestra. Unidad: µg.

C = concentración del ácido nucleico calculada a partir de la medición. Unidad: µg/mL o ng/µL.

$V_{P,\ gesamt}$ = volumen total de la muestra en el recipiente de la muestra. Introduzca este valor en **More calculations**. Unidad: µL.

12.5.3.2 Cálculo de la concentración molar

Aplicación: cálculo de la concentración molar del ácido nucleico a partir de la concentración en masa y la masa molar relativa. La masa molar o bien se introduce directamente o bien es calculada por el equipo a partir del número de bases y/o pares de bases por molécula de ácido nucleico introducido.

$$C_{Mol} = \frac{C \times 10^3}{MM}$$

C_{Mol} = concentración molar calculada del ácido nucleico. Unidad: pmol/mL.

C = concentración en masa del ácido nucleico calculada a partir de la medición. Unidad: µg/mL o ng/µL.

MM = masa molar relativa. Unidad: kDa

En caso de que en **More calculations** se introdujo el número de bases y/o pares de bases por molécula de ácido nucleico en lugar de la masa molar relativa , la MM se calculará a partir del número de bases y/o pares de bases:

Para **dsDNA:**

$$MM = bp \times 2 \times 330 \times 10^{-3}$$

Para **ssDNA, RNA, Oligo:**

$$MM = b \times 330 \times 10^{-3}$$

MM = masa molar relativa calculada; unidad: kDa

bp = número introducido de los pares de bases por molécula

b = número introducido de las bases por molécula

- Para **dsDNA** se parte de un ácido nucleico bicatenario en el cálculo de la concentración molar. Para los métodos **ssDNA**, **RNA** y **Oligo** se parte de un ácido nucleico monocatenario.
- Para métodos que fueron programados en el grupo principal ***Routine***, grupo de métodos **Nucleic acids**, mediante **<New Method>**, siempre se parte de ácidos nucleicos bicatenarios para el cálculo de la concentración molar.

12.5.4 Cálculo del factor para proteína en "General Method Parameter"

Este apartado solamente vale para el cálculo del componente de proteína en los grupos de métodos **Dye labels** y **Proteins direct UV.** En estos grupos de métodos se selecciona el componente de proteína en los parámetros (ver *Parámetros de método en pág. 38)*. Al componente de proteína le está asignado un factor que se introduce en la función **General Method Parameter/Proteins** para cada proteína. Alternativamente al factor también se puede introducir o bien $A_{0.1\%}$ o bien el coeficiente de extinción más la masa molar de la proteína. En este caso, el factor se calcula del siguiente modo:

$$F_P = \frac{1}{A_{0.1\%}}$$

F = factor para la proteína; unidad: g/L.

$A_{0.1\%}$ = extinción de la proteína a una concentración de 0,1 % (1 g/L).

Al entrar el coeficiente de extinción molar y la masa molar relativa de la proteína, es posible calcular $A_{0.1\%}$ a partir de allí:

$$A_{0.1\%} = \frac{\varepsilon_P}{MM_P}$$

ε_P = coeficiente de extinción molar de la proteína; unidad: $cm^{-1}M^{-1}$.

MM_P = masa molar relativa de la proteína; unidad: Da (introducción en **General Method Parameter** en kDa).

12.6 Procedimientos de evaluación especiales para los métodos de tinción

12.6.1 Cálculo del factor para el colorante a partir del coeficiente de extinción

En los métodos de tinción se calcula la concentración del colorante con un factor de la extinción medida (ver *Evaluación con factor o con solución patrón en pág. 100)*. El factor se introduce en la función **General Method Parameter/Dyes** para cada colorante. Alternativamente a la entrada del factor también se puede introducir el coeficiente de extinción. En este caso se calcula el factor de la siguiente manera:

$$F_{Dye} = \frac{10^6}{\varepsilon_{Dye}}$$

F = factor para el colorante; unidad: pmol/µL.

ε = coeficiente de extinción para el colorante; unidad: $cm^{-1}Mol^{-1}L$.

12.6.2 Cálculo de la FOI

Como valor para la relación entre moléculas de colorante y cantidad de nucleótidos en el ácido nucleico se calcula e indica la frecuencia de incorporación (FOI) en los métodos de tinción. El cálculo se puede seleccionar para dos diferentes unidades de resultado:

Unidad MOLÉCULAS dye/kb

$$FOI = \frac{A_{YYY}}{\varepsilon_{Dye}} \times \frac{10^6 \times MM_{nt}}{A_{XXX} \times F_{NA}}$$

Unidad pmol/µg ADN (y/o ARN)

$$FOI = \frac{A_{YYY}}{\varepsilon_{Dye}} \times \frac{10^9}{A_{XXX} \times F_{NA}}$$

A_{YYY} = extinción del colorante.

A_{XXX} = extinción del ácido nucleico.

MM_{nt} = masa molar media de los nucleótidos: 330 g/mol.

F_{NA} = factor para el cálculo del ácido nucleico.

ε_{Dye} = coeficiente de extinción para el colorante; unidad: $cm^{-1}M^{-1}$.

12.6.3 Conversión a cantidades de colorante

El cálculo de la cantidad (masa) de colorante en todo el volumen de la muestra se realiza en el paso de método **process results/More calculations**.

$$M = C \times V_{P,total}$$

M = cantidad total calculada (masa) del colorante en el tubo de muestra. Unidad: pmol.

C = concentración del colorante calculada a partir de la medición. Unidad: pmol/µL.

$V_{P,\ total}$ = volumen total de la muestra en el tubo de muestra; es introducido por el usuario en **More calculations**. Unidad: µL.

12.7 Dual wavelength

Para métodos del grupo **Dual Wavelength** se pueden compensar las extinciones que se midieron en dos longitudes de onda antes de que la extinción calculada sea incorporada en la siguiente evaluación con factor o solución patrón.

Para determinar la extinción calculada, es posible definir una evaluación mediante división o mediante sustracción en los parámetros:

$$A_{calc} = \frac{a \times A_1}{b \times A_2} \times c + d$$

$$A_{calc} = \left[\left(a \times A_1\right) - \left(b \times A_2\right)\right] \times c + d$$

A_1, A_2 = extinciones medidas.

a, *b*, *c*, *d* = factores que se introducen en los parámetros. También se pueden introducir números negativos.

12.8 Fluorimetría

12.8.1 RFU

Relative Fluorescence Unit: las unidades de fluorescencia relativa (RFU) son una medida para la fluorescencia medida. A diferencia de los valores de absorbancia en la fotometría, las RFU no se pueden comparar de dispositivo a dispositivo, sino que deben referirse siempre a estándares de fluorescencia o concentración conocida.

12.8.2 Blanco

Todas las RFU se refieren siempre al último blanco medido.

Una medición en blanco es obligatoria, por tanto, al principio de cada serie de medidas y también posible durante una serie de medidas. En caso ideal, la medición en blanco debería poder compensar todas las posibilidades de influencia en la RFU de la solución de medición. El blanco debería medirse, por tanto, con el tampón utilizado también para la medición de muestras así como en la misma cubeta – salvo si las cubetas utilizadas para la medición del blanco y de la muestra están igualadas ópticamente entre sí, es decir, tienen la misma RFU en la longitud de onda de medición

12.8.3 Evaluación con estándar y curva/recta estándar, dilución

La evaluación con un estándar o con una curva/recta estándar es análoga a la evaluación de métodos fotométricos (ver *Evaluación con factor o con solución patrón en pág. 100)*.

Si se evalúa con más de un estándar, pueden seleccionarse con la [Curve fit] en el paso de métodos **measure standards/new** distintos procedimientos de evaluación para la curva/recta estándar (ver *Evaluación con curva/línea recta de solución patrón en pág. 101)*.

El cálculo del resultado de la dilución se realiza como en los métodos fotométricos (ver *Dilución en pág. 102)*.

13 Información para pedidos

N° de pedido (Internacional)	N° de pedido (Norteamérica)	Descripción
		Eppendorf BioSpectrometer basic
6135 000.009	–	230 V/50 – 60 Hz, conector de la red de distribución Europa
6135 000.017	6135000017	120 V/50 – 60 Hz, conector de la red de distribución América
		Eppendorf BioSpectrometer fluorescence
6137 000.006	–	230 V/50 – 60 Hz, conector de la red de distribución Europa
6137 000.014	6137000014	120 V/50 – 60 Hz, conector de la red de distribución América
		Juego de filtros de referencia BioSpectrometer fluorescence
6137 928.009	6137928009	juego de filtros para verificar la exactitud fotométrica y el error sistemático de longitudes de onda (según NIST), y para verificar la precisión fluorimétrica (error aleatorio) y la linealidad
		Thermal Printer DPU-S445
		Incluye fuente de alimentación y cable de impresora
6135 011.000		230 V, EU
6135 010.004	6135010004	115 V/110V, USA, JP
6135 012.007		230 V, UK
		Papel térmico
0013 021.566	952010409	5 rollos
		Eppendorf UVette 220 nm – 1 600 nm
		Cubeta de plástico original de Eppendorf, PCR clean, Protein-free
0030 106.300	952010051	50 - 2 000 µL, 80 unidades, embaladas individualmente
		Eppendorf UVette routine pack 220 nm – 1 600 nm
		Eppendorf Quality
0030 106.318	952010069	50 - 2 000 µL, 200 unidades, caja recerrable
		Eppendorf macro Vis Cuvettes
0030 079.345	0030079345	10 × 100 unidades
		Eppendorf semi-micro Vis Cuvettes
0030 079.353	0030079353	10 × 100 unidades
		Soporte de cubetas
4308 078.006	940001102	para 16 cubetas

EG-Konformitätserklärung
EC Conformity Declaration

Das bezeichnete Produkt entspricht den einschlägigen grundlegenden Anforderungen der aufgeführten EG-Richtlinien und Normen. Bei einer nicht mit uns abgestimmten Änderung des Produktes oder einer nicht bestimmungsgemäßen Anwendung verliert diese Erklärung ihre Gültigkeit.

The product named below fulfills the relevant fundamental requirements of the EC directives and standards listed. In the case of unauthorized modifications to the product or an unintended use this declaration becomes invalid.

Produktbezeichnung, Product name:

Eppendorf BioSpectrometer® fluorescence

Produkttyp, Product type:

Photometer

Einschlägige EG-Richtlinien/Normen, Relevant EC directives/standards:

2006/95/EG; EN 61010-1

2004/108/EG; EN 55011, EN 61326-1

2011/65/EU

H.-G. Kühl

Vorstand, Board of Management:

Projektmanagement, Project Management:

07.08.2013

Hamburg, Date:

ISO CERTIFIED 9001

eppendorf

Eppendorf AG · Barkhausenweg 1 · 22339 Hamburg · Germany

Evaluate Your Manual

Give us your feedback.
www.eppendorf.com/manualfeedback

Your local distributor: www.eppendorf.com/contact
Eppendorf AG · 22331 Hamburg · Germany
eppendorf@eppendorf.com · www.eppendorf.com